

# EUROPEAN PATENT OFFICE

## Patent Abstracts of Japan

PUBLICATION NUMBER : 2003164282  
PUBLICATION DATE : 10-06-03

APPLICATION DATE : 29-11-01  
APPLICATION NUMBER : 2001365153

APPLICANT : GIFU UNIV;

INVENTOR : EZAKI TAKAYUKI;

INT.CL. : C12N 15/09 C12Q 1/68 G01N 33/53 G01N 33/566 G01N 33/569

TITLE : METHOD FOR DETECTING MICROORGANISM AND PRIMER SET FOR DETECTING THE SAME

ABSTRACT : PROBLEM TO BE SOLVED: To provide a method for detecting microorganisms by amplifying the genes of the microorganisms under a common condition using plural kinds of microorganisms being pathogens causing a diarrheal disease and a food poisoning as a detecting object, and a primer set used for the method.

SOLUTION: A process for providing a primer set designed so that a target gene region is amplified under the determined temperature cycling condition and together with predetermining a temperature cycling condition in an amplifying reaction of the PCR method to a constant condition for each of the plural kinds of microorganisms as an object to be detected, and a process for performing the amplifying reaction under the determined common temperature cycling condition by respectively using the prepared plural kinds of primer set to a specimen supposed to contain at least one kind of the microorganism as the object to be detected are prepared. In the case that highly sensitive detection is an object, the nested PCR method is used.

COPYRIGHT: (C)2003,JPO

(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開2003-164282

(P2003-164282A)

(43)公開日 平成15年6月10日 (2003.6.10)

(51)Int.Cl. <sup>7</sup>	識別記号	F I	テ-マ-ト <sup>*</sup> (参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 1 2 Q 1/68	A 4 B 0 2 4
C 1 2 Q 1/68		G 0 1 N 33/53	M 4 B 0 6 3
G 0 1 N 33/53		33/566	
33/566		33/569	F
33/569		C 1 2 N 15/00	Z N A A
			審査請求 未請求 請求項の数 3 O L (全 69 頁)

(21)出願番号 特願2001-365153(P2001-365153)

(71)出願人 594147501

株式会社ラカン

岐阜県岐阜市宇佐3丁目17番7号

(71)出願人 391012257

岐阜大学長

岐阜県岐阜市柳戸1番1

(72)発明者 江崎 孝行

岐阜県岐阜市加納永井町1-18-2

(74)代理人 100098224

弁理士 前田 勝次

(22)出願日 平成13年11月29日 (2001.11.29)

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 微生物の検出方法、及び微生物の検出用プライマーセット

(57)【要約】

【課題】 複数種類の下痢症状及び食中毒の原因菌となる微生物を検出対象として、微生物の遺伝子を共通の条件で增幅させて検出することができる微生物の検出方法、及びその方法に用いられるプライマーセットを提供する。

【解決手段】 P C R法の増幅反応における温度サイクル条件を予め一定条件に設定するとともに、設定された温度サイクル条件下で、標的とされる遺伝子領域が増幅されるように設計されたプライマーセットを、検出対象とする複数種類の微生物のそれぞれについて準備する工程と、検出対象とされる少なくとも1種類の微生物を含むと思われる試料につき、準備された複数種類のプライマーセットをそれぞれに用いて、設定された共通の温度サイクル条件下で増幅反応を行う工程とを備える。また、高感度の検出を目的とする場合には、ネスティッドP C R法を用いる。

## 【特許請求の範囲】

【請求項1】 所定の分類範囲において特異的かつ普遍的な塩基配列を持つ微生物の遺伝子を標的とするプライマーを用いて、前記分類範囲に属する前記微生物の前記遺伝子をPCR(ポリメラーゼ連鎖反応)法の増幅反応における温度サイクル条件を予め一定条件に設定するとともに、その設定条件下で、標的とされる前記遺伝子が増幅されるように設計されたプライマーセットを、検出対象とする複数種類の前記微生物のそれについて調整する工程と、  
検出対象とされる前記微生物のうち少なくとも一つを含む試料について、調整された前記プライマーセットをそれぞれ用いて、設定された前記温度サイクル条件に基づいて増幅反応を行なう工程とを備え、  
下記の(A)～(HH)からなるイ群、及び(a)～(hh)からなるロ群より選択される複数種類の前記プライマーセットを用いた微生物の検出方法。

イ群：

- (A) エロモナス・ヒドロフィラ (Aeromonas hydrophila) を検出するための配列番号1及び配列番号2に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (B) エロモナス (Aeromonas) 属を検出するための配列番号3及び配列番号4に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (C) バシラス・セレウス (Bacillus cereus group) 群を検出するための配列番号5及び配列番号6に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (D) バクテロイデス・フラジリス (Bacteroides fragilis) を検出するための配列番号7及び配列番号8に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (E) カンピロバクター・ジェジュニ (Campylobacter jejuni) を検出するための配列番号9及び配列番号10に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (F) カンピロバクター・ジェジュニ/コリ (Campylobacter jejuni/coli) を検出するための配列番号11及び配列番号12に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (G) カンピロバクター (Campylobacter) 属を検出するための配列番号13及び配列番号14に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (H) クロストリジウム・ボツリナム (Clostridium botulinum) を検出するための配列番号15乃至配列番号34に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (I) クロストリジウム・ブチリカム (Clostridium butyricum) を検出するための配列番号35及び配列番号36に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (J) クロストリジウム・ディフィシレ (Clostridium difficile) を検出するための配列番号37乃至配列番号42に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

ト、

- (K) クロストリジウム・パーフリンジエンス (Clostridium perfringens) を検出するための配列番号43乃至配列番号46に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (L) クリプトスパリジウム・パルブム (Cryptosporidium parvum) を検出するための配列番号47及び配列番号48に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (M) エントアメーバ・ヒストリティカ (Entamoeba histolytica) を検出するための配列番号49及び配列番号50に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (N) 腸管凝集付着性大腸菌 (Escherichia coli (EaggE)) を検出するための配列番号51乃至配列番号54に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (O) 腸管組織侵入性大腸菌 (Escherichia coli (EIE)) を検出するための配列番号55及び配列番号56に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (P) 腸管出血性大腸菌 (Escherichia coli (EHEC)) を検出するための配列番号57乃至配列番号60に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (Q) 毒素原性大腸菌 (Escherichia coli (ETEC)) を検出するための配列番号61乃至配列番号66に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (R) 大腸菌 (Escherichia coli) の病原因子の一つであるインティミン (intimin (接着因子)) 産生遺伝子 (eaeA) を検出するための配列番号67及び配列番号68に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (S) ギアルディア・ランブリア (Giardia lamblia) を検出するための配列番号69及び配列番号70に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (T) リステリア・モノサイトゲネス (Listeria monocytogenes) を検出するための配列番号71乃至配列番号74に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (U) プレジオモナス・シゲロイデス (Plesiomonas shigelloides) を検出するための配列番号75及び配列番号76に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (V) サルモネラ (Salmonella) 属を検出するための配列番号77乃至配列番号80に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (W) サルモネラ・タイフィ (Salmonella typhi) を検出するための配列番号81及び配列番号82に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (X) シゲラ・フレクスネリ (Shigella flexneri) を検出するための配列番号83及び配列番号84に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、
- (Y) スタフィロコッカス・アウレウス (Staphylococc

*us aureus*) を検出するための配列番号 85 乃至配列番号 94 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(Z) トロフェリマ・ウィッペリ (*Tropheryma whipplei* (Whipple Disease)) を検出するための配列番号 95 乃至配列番号 98 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(AA) ビブリオ・コレラ (*Vibrio cholerae*) を検出するための配列番号 99 及び配列番号 100 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(BB) ビブリオ・コレラ/ミミカス (*Vibrio cholerae/mimicus*) を検出するための配列番号 101 及び配列番号 102 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(CC) ビブリオ・フルビアリス (*Vibrio fluvialis*) を検出するための配列番号 103 及び配列番号 104 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(DD) ビブリオ・バラヘモリティカス (*Vibrio parahaemolyticus* group) 群を検出するための配列番号 105 及び配列番号 106 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(EE) ビブリオ・バラヘモリティカス (*Vibrio parahaemolyticus*) を検出するための配列番号 107 及び配列番号 108 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(FF) ビブリオ (*Vibrio*) 属を検出するための配列番号 109 及び配列番号 110 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(GG) エルシニア・エンテロコリティカ (*Yersinia enterocolitica*) を検出するための配列番号 111 及び配列番号 112 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(HH) エルシニア・エンテロコリティカ (*Yersinia enterocolitica* group) 群を検出するための配列番号 113 及び配列番号 114 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット。

口群：

(a) エロモナス・ヒドロフィラを検出するための配列番号 115 及び配列番号 116 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(b) エロモナス属を検出するための配列番号 117 及び配列番号 118 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(c) バシラス・セレウスを検出するための配列番号 119 及び配列番号 120 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(d) バクテロイデス・フラジリスを検出するための配列番号 121 及び配列番号 122 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(e) カンピロバクター・ジェジュニを検出するための

配列番号 123 及び配列番号 124 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(f) カンピロバクター・ジェジュニ/コリを検出するための配列番号 125 及び配列番号 126 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(g) カンピロバクター属を検出するための配列番号 127 及び配列番号 128 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(h) クロストリジウム・ボツリナムを検出するための配列番号 129 乃至配列番号 148 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(i) クロストリジウム・ブチリカムを検出するための配列番号 149 及び配列番号 150 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(j) クロストリジウム・ディフィシレを検出するための配列番号 151 乃至配列番号 156 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(k) クロストリジウム・パーフリンジエンスを検出するための配列番号 157 乃至配列番号 160 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(l) クリプトスポリジウム・バルブムを検出するための配列番号 161 及び配列番号 162 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(m) エントアーベ・ヒストリティカを検出するための配列番号 163 及び配列番号 164 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(n) 腸管凝集付着性大腸菌を検出するための配列番号 165 乃至配列番号 168 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(o) 腸管組織侵入性大腸菌を検出するための配列番号 169 及び配列番号 170 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(p) 腸管出血性大腸菌を検出するための配列番号 171 乃至配列番号 174 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(q) 毒素原性大腸菌を検出するための配列番号 175 乃至配列番号 180 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(r) 大腸菌の病原因子の一つであるインティミン産生遺伝子を検出するための配列番号 181 及び配列番号 182 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(s) ギアルディア・ランブリアを検出するための配列番号 183 及び配列番号 184 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(t) リステリア・モノサイトゲネスを検出するための配列番号 185 乃至配列番号 188 に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(u) プレジオモナス・シゲロイデスを検出するための配列番号 189 及び配列番号 190 に示す塩基配列をそ

それぞれに持つプライマーセット、

(v) サルモネラ属を検出するための配列番号191乃至配列番号194に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(w) サルモネラ・タイフィを検出するための配列番号195及び配列番号196に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(x) シゲラ・フレクスネリを検出するための配列番号197及び配列番号198に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(y) スタフィロコッカス・アウレウスを検出するための配列番号199乃至配列番号208に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(z) トロフェリマ・ウィッペリを検出するための配列番号209乃至配列番号212に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(aa) ビブリオ・コレラを検出するための配列番号213及び配列番号214に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(bb) ビブリオ・コレラ/ミミカスを検出するための配列番号215及び配列番号216に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(cc) ビブリオ・フルビアリスを検出するための配列番号217及び配列番号218に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(dd) ビブリオ・バラヘモリティカスを検出するための配列番号219及び配列番号220に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(ee) ビブリオ・バラヘモリティカス群を検出するための配列番号221及び配列番号222に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(ff) ビブリオ属を検出するための配列番号223及び配列番号224に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(gg) エルシニア・エンテロコリティカを検出するための配列番号225及び配列番号226に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット、

(hh) エルシニア・エンテロコリティカ群を検出するための配列番号227及び配列番号228に示す塩基配列をそれぞれに持つプライマーセット。

【請求項2】 前記イ群より選択されるプライマーセットとともに、前記ロ群より選択されるプライマーセットをネステッドプライマーとして用いることを特徴とする請求項1に記載の微生物の検出方法。

【請求項3】 請求項1に記載の各群より選択される複数種類のプライマーセットで構成されることを特徴とする微生物の検出用プライマーセット。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は、微生物の遺伝子を

PCR(ポリメラーゼ連鎖反応)法で増幅して検出する微生物の検出方法、及び微生物の検出用プライマーセットに関するものであり、特に、人体に食中毒などを引き起こす原因菌となる微生物の遺伝子を対象として共通の条件で増幅させる微生物の検出方法、及び微生物の検出用プライマーセットに関するものである。

【0002】

【従来の技術】 一般に、細菌などの微生物を検出し同定するためには、選択培地による分離培養、顕微鏡による形態観察、あるいは培養菌を用いた生理学的性状や薬剤感受性などの試験が行われる。しかし、培養を前提とするこれらの手法は、培養が困難なレジオネラなどの場合には適用することが困難である。また、培養時間が必須であり、その他にも時間のかかる操作が含まれることから、結果が得られるまでには通常数日間を要し、培養期間が長い結核菌などの場合は数週間という期間が必要となる。このような時間的な制約は、赤痢や敗血症などの急性感染症を引き起こす病原体や薬剤耐性菌など、迅速な同定が求められる場合においては、大きな障害となっている。

【0003】 そこで、近年では、遺伝子を分析することによって微生物を検出し同定する遺伝子検査法が、臨床検査の現場などに広く導入されつつある。この遺伝子検査法では、PCR(ポリメラーゼ連鎖反応)法を組み合わせて微生物の遺伝子を増幅させることにより、検出感度を飛躍的に向上させることができる。しかも、培養期間を待つ必要がないため短時間で結果を得ることができ、培養困難な微生物も検出対象とすることができる。PCR法では、プライマーと呼ばれる一対のDNA断片を必要とし、増幅したい遺伝子領域の5'末端部分に相当する塩基配列(センス側)と、3'末端部分に相当する相補的な塩基配列(アンチセンス側)とを用いる。したがって、ある微生物に特異的な遺伝子を標的とするプライマーを用いて増幅すれば、その微生物を同定することも可能である。

【0004】 PCR法の増幅反応は、DNAの熱変性、プライマーのアニーリング、及びポリメラーゼ伸長反応のそれぞれの温度条件で反応液をインキュベートすることによって進行し、この三つのステップからなる温度サイクルを繰り返すことで所望の増幅産物が得られる。増幅反応の至適条件は使用するプライマーの種類によって異なり、中でも温度サイクルのアニーリング条件はプライマーの塩基配列や鎖長に大きく影響される。したがって、PCR法により高感度で目的とする増幅産物を得るには、プライマーの至適条件を予備実験などによって確認し、その条件に基づいて増幅反応を行うことが重要とされる。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】 ところで、微生物の検出試験は、特定の微生物の検出を目的とする以外に、不

特定の微生物の検出、あるいは複数種類の微生物の同時検出を目的として行われることが多い。このような試験においてPCR法を適用する場合には、広範囲の微生物の間、例えば細菌全般に普遍的な遺伝子を標的とするプライマー（ユニバーサルプライマー）や、検出対象とする各微生物に特異的な遺伝子を標的とする複数種類のプライマーが用いられる。しかし、ユニバーサルプライマーを用いる方法は、増幅反応の段階で微生物を特定することができないため、同定のための後操作が必要となる。一方、複数種類のプライマーを用いる方法は、増幅反応の段階である程度の種の特定が可能であるが、各プライマーについて温度サイクル条件を設定する必要が生じる。

【0006】PCR法における温度サイクルの制御は、一般に、反応液を入れた容器をPCR装置（サーマルサイクラー）を用いて加熱又は冷却し、反応液の温度を設定された温度サイクル条件に基づき変動させることにより行われる。ところが、PCR装置では基本的に一種類の温度サイクル条件しか制御することができないため、異なる温度サイクル条件を設定しようとする場合には、それぞれの増幅反応を順次行う必要があった。このため、複数種類のプライマーセットを用いる場合には、たとえ試料が一種類のみであっても、それぞれの増幅反応を同時にを行うことが困難であり、迅速性というPCR法による利益を十分に享受することができなかった。また、プライマー毎に異なる温度サイクル条件を適用する必要があることから、その操作が煩雑であり、温度サイクル条件の設定ミスなどの誤操作を誘発する要因にもなっていた。

【0007】近年に入り、病原性大腸菌O-157などによる微生物に起因する大規模な食中毒事件が発生している。このような場合、対象となる微生物種を特定し、さらに該微生物種に対応した適切な治療及び処置を迅速

に行なう必要があった。また、大腸菌以外にも、ボツリヌス菌やサルモネラ菌などの微生物によって激痛を伴う下痢症状を引き起こすことがあった。そのため、特に、これらの微生物の検出を速やかに行なえるPCR法に基づいた微生物の検出方法、及び該PCR法に用いるプライマーセットが求められていた。

【0008】そこで、本発明は、上記実情に鑑み、複数種類の微生物を検出対象とし、特に人体に対し、下痢症状を含む食中毒の原因菌となる各微生物の遺伝子を共通の条件で増幅させて検出することができる微生物の検出方法、及びその方法に用いられるプライマーセットの提供を課題とする。

#### 【0009】

【課題を解決するための手段】請求項1に記載の発明に係る微生物の検出方法は、所定の分類範囲において特異的かつ普遍的な塩基配列を持つ微生物の遺伝子を標的とするプライマーを用いて、前記分類範囲に属する前記微生物の前記遺伝子をPCR（ポリメラーゼ連鎖反応）法の増幅反応における温度サイクル条件を予め一定条件に設定するとともに、その設定条件下で、標的とされる前記遺伝子が増幅されるように設計されたプライマーセットを、検出対象とする複数種類の前記微生物のそれぞれについて調整する工程と、検出対象とされる前記微生物のうち少なくとも一つを含む試料について、調整された前記プライマーセットをそれぞれ用いて、設定された前記温度サイクル条件に基づいて増幅反応を行なう工程とを備え、下記の表1及び表2の(A)～(HH)からなるイ群、及び表3及び表4の(a)～(hh)からなるロ群より選択される複数種類のプライマーセットを用いたものである。

#### 【0010】

##### 【表1】

## プライマーセット(外側-1)

対象微生物	塩基配列(5'-3')	
	センスプライマー	アンセンスプライマー
(A) <i>Aeromonas hydrophila</i>	配列番号1 : GGGTCTACAGCGGAAGTG	配列番号2 : TGACIGIGTCATCGTGC
(B) <i>Aeromonas</i> spp.	配列番号3 : GGGAAGTAACTTGCTAC	配列番号4 : CTTCCCTCTCGCTGAAA
(C) <i>Bacillus cereus</i> group	配列番号5 : CAAAATCTATGAAATGCC	配列番号6 : CYCTTAATTAGTTAACTTC
(D) <i>Bacteroides fragilis</i>	配列番号7 : CGAAGACGGTGTATGTGATT	配列番号8 : CGCCAGATATGACCTAGT
(E) <i>Campylobacter jejuni</i>	配列番号9 : GATGTACACTAGTTGTTGGG	配列番号10 : AAGCTAGGACCCCTATAT
(F) <i>Campylobacter</i> <i>jejuni/coli</i>	配列番号11 : ACGATGAACTTCTAGCT	配列番号12 : AGTTAACTGTTAAAGCCA
(G) <i>Campylobacter</i> spp.	配列番号13 : GTATAGTTAACTGCCCTAC	配列番号14 : TATCCCTTAAGTACCGTCA
(H) <i>Clostridium botulinum</i>	配列番号15 : AGTTAGGCTAGAAAAAACTG	配列番号16 : ACTTGAATTAAAGAATICA
	配列番号17 : CYTTAAAGCTAAACAGATT	配列番号18 : AATCTAACTTAAAGGTTTT
	配列番号19 : TTAGATCTCTGTTGATAATA	配列番号19 : TCAAAAGTTAAATTGGAGT
	配列番号21 : GGTATTATTTTGAAGATGAT	配列番号22 : GGTTTTAACAAATACITCTGA
	配列番号23 : TCCTTAACTTCTACACAAAT	配列番号24 : TTATTAACGTTAATAGTTAGC
	配列番号25 : TTATATGATCTCTGTTAATG	配列番号25 : ATCTGGAAATTATCATTC
	配列番号27 : CTGTACTTCAACAAACTGTA	配列番号28 : GTTAGTGGAAAACCAGTTT
	配列番号29 : GCTAGAAAAAACTGATAACGGT	配列番号30 : TTTTTTATAGATTTTGGTG
	配列番号31 : CGGGCTAGAAAAAACTTAATAC	配列番号32 : TTTTTTATAGATTTTGGTG
	配列番号33 : CTTTTATGGAAACATGTATT	配列番号34 : ATAAAATTCTCAACACAAAT
(I) <i>Clostridium butyricum</i>	配列番号35 : TTTGTCAGAAATTATATAAA	配列番号36 : AATAGTATGCTTGGCTACC
(J) <i>Clostridium difficile</i>	配列番号37 : GCTTTCAGTCAGGAGT	配列番号38 : ACCTCTGGAGGGTACTT
	配列番号39 : AGAAGAGTTAATAAAACTTG	配列番号40 : TCACATATCATACACAGTTT
	配列番号41 : GTCAGAGAAATCTGTAGTCG	配列番号42 : TTCCTGATCTACTACAGTT
(K) <i>Clostridium perfringens</i>	配列番号43 : TAACACGGGTTAACCTC	配列番号44 : TCCTTGGGTACCGTCAIT
	配列番号45 : TTTAAGCTGATGGTTAATATG	配列番号46 : TCAGAGATATTACCATGAGA
(L) <i>Cryptosporidium</i> <i>parvum</i>	配列番号47 : CTGGCTTACAAGCTGTATC	配列番号48 : CAACAGCAGACACATICAAG
(M) <i>Entamoeba histolytica</i>	配列番号49 : TCAAGAGAAAGCATGTGTA	配列番号50 : CGTACGCCCTCTTACTTTT
(N) <i>Escherichia coli</i> ( <i>Eae</i> EC)	配列番号51 : CTGGGAAAGACTGTATCAT	配列番号52 : CAATCTATAGAAAATCCGGCTGTT
	配列番号53 : GAAGGATATCTCTCACTGCC	配列番号54 : ATCCGTTTCAAGGTCCGAGTGACGCC
(O) <i>Escherichia coli</i> (EIEC)	配列番号55 : TATATCTACTCTTGTGCCCA	配列番号56 : TTTAACTCTCTCTTAAATA
(P) <i>Escherichia coli</i> (EHEC)	配列番号57 : TGTCAGGGATAGATTC	配列番号58 : AAATCCCTCTGTATTG
	配列番号59 : TGGAGTCACTGTGTTAATCA	配列番号60 : TGTATTACTTCCCTATAATG

【表2】

プライマーセット(外側-2)

	対象微生物	塩基配列(5'→3')	
		センスプライマー	アンチセンスプライマー
(Q)	<i>Escherichia coli</i> (ETEC)	配列番号6 1 : CAGATATATGGATGGTATCG 配列番号6 3 : TCIGTATTTGCTTTTCAC 配列番号6 5 : CCGGAGCTTAATGAAAG 配列番号6 7 : AAACATTGATTAATGCTTAGTG	配列番号6 2 : CTGCCCTCTTAACTTTTGATT 配列番号6 4 : AGCAGGTTACAAACACAATT 配列番号6 6 : ATTTATCAACAAAGCAACA 配列番号6 8 : TAGTCACCTTTATGGTGTA
(S)	<i>Giardia lamblia</i> group	配列番号6 9 : GACCCCTCTCCCCAAGGA	配列番号7 0 : GAATTACCGCGGTGCTG
(T)	<i>Listeria monocytogenes</i>	配列番号7 1 : ATCCATAAGTATAZACAGG 配列番号7 3 : TACCAATAGCACACACAAA	配列番号7 2 : ATCCCCATTTTCCACTAAATG 配列番号7 4 : CTGGAAATGTTAGGGCTCG
(U)	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	配列番号7 5 : TAACACAGGGAGGCTTC	配列番号7 6 : ATGCCACTAGGTATTAAC
(V)	<i>Salmonella</i> spp.	配列番号7 7 : GGCATCTGTTGATGATAT 配列番号7 9 : TCTTACATTTGACAGAACTCT	配列番号7 8 : TAACTCACTCCCTGAAATCTG 配列番号8 0 : TCACCTTTGATAAACTTCAT
(W)	<i>Salmonella typhi</i>	配列番号8 1 : ATTAGGTTAACTTACGATAA	配列番号8 2 : TTTAACTATATCCCTACGGTT
(X)	<i>Shigella flexneri</i>	配列番号8 3 : TAATGGAGAAATTTTCA	配列番号8 4 : ATGGTCATAATTGCTACCATI
(Y)	<i>Staphylococcus aureus</i>	配列番号8 5 : GCAATTTAAACAAATCTAT 配列番号8 7 : GAAATAATGAAAGTTTGT 配列番号8 9 : GATGATCATTTATGATGAGC 配列番号9 1 : ATTTAACATTTTATGGAT 配列番号9 3 : ATCTTACGGAAATTATTTAT	配列番号8 6 : TATTTTTCCCTGTAATAAAG 配列番号8 8 : AATAAATTTTTACCACTTC 配列番号9 0 : GTTCTTGGAGCTTACACTT 配列番号9 2 : ATGTTATAAGGGAAACATCT 配列番号9 4 : TTATATAAACCAAAATTTC
(Z)	<i>Tropheryme whippelii</i> (Whipple Disease)	配列番号9 5 : TGGCCCTCTGTGATTTAGT	配列番号9 6 : GCCAAAAGGGTTTACAA
(AA)	<i>Vibrio cholerae</i>	配列番号9 7 : CCTCTACCTTGGGATAAC	配列番号9 8 : TTTCTGAGGTACCGTCA
(BB)	<i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	配列番号1 0 1 : TAACCATTTGGAAACGATG	配列番号1 0 2 : AATGATTAAAGGTATTAACCT
(CC)	<i>Vibrio fluvialis</i>	配列番号1 0 3 : CAGGGACAAACATTGAAACCTT	配列番号1 0 4 : ACGTTAACGTCAAAAGATA
(DD)	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	配列番号1 0 5 : GGAAAACAGTTATCTGAA	配列番号1 0 6 : GTCAAATGATGGTGCTAT
(EE)	<i>Vibrio parahaemolyticus</i> group	配列番号1 0 7 : CTTCCTGATGAGATATTGTTT	配列番号1 0 8 : AAATATTTCTGGAGTTTCAT
(FF)	<i>Vibrio</i> spp.	配列番号1 0 9 : TAACCATTTGGAAACGATG	配列番号1 0 10 : CTTAAACAAACCCCTCTCA
(GG)	<i>Versinia enterocytica</i>	配列番号1 1 1 : CTGACTTAATGCTGGAAAGT	配列番号1 1 2 : GTAACCTCAATCCAACAA
(HH)	<i>Versinia enterocytica</i> group	配列番号1 1 3 : ATACCCGATAACGCTTC	配列番号1 1 4 : TAACGCTCAATCCAACAAAC

【表3】

【0012】

対象微生物	プライマーセット(内側-1)	
	センスプライマー	アンチセンスプライマー
(a) <i>Aeromonas hydrophila</i>	配列番号115 : TGCTGGCGACGGCTGATG	配列番号116 : CTCTGCCTGGCTGCATGC
(b) <i>Aeromonas</i> spp.	配列番号117 : ATAACACTTGGAAACGGACTG	配列番号118 : GGCTGCATCAGGGTTTC
(c) <i>Bacillus cereus</i> group	配列番号119 : CIGTTACTGGGATACGGAAAGT	配列番号120 : CTATTAGTTGTTGCGATACT
(d) <i>Bacteroides fragilis</i>	配列番号121 : CGAACTCGGTTATCCGAGTT	配列番号122 : CGGAAACCGTTATTCACATTA
(e) <i>Campylobacter jejuni</i>	配列番号123 : CATCTCGAATAGCAGCTAACG	配列番号124 : GCACCCCTCATATCCTCTATAAGG
(f) <i>Campylobacter jejuni</i> 'coli'	配列番号125 : CTTGCCTAACACAAGTTGAG	配列番号126 : CTTCAGAAATTCTCCCTAAAG
(g) <i>Campylobacter</i> spp.	配列番号127 : CGGTTGAGGTTAGACTATA	配列番号128 : CCAGTGTACTGATCATCT
(h) <i>Clostridium botulinum</i>	配列番号129 : GCCAGAGAGATAATTATGGCG	配列番号130 : TTCCCCACGGTTAGTACTAT
	配列番号131 : ATCAACTTCCCGTAAACGGT	配列番号132 : TIGAACTTGAAGCCGTBAT
	配列番号133 : CACTACTAATGAGCTGAA	配列番号134 : GGGTATATCTGTCGAAGTC
	配列番号135 : AAGTCGAAAGATGGATTCG	配列番号136 : CCCACTAAAGCTTAATTCCT
	配列番号137 : CAAGTACCAATTCCATTCTC	配列番号138 : ACCATTCAGCACTATCT
	配列番号139 : GATTTCATACGGCTACTTC	配列番号140 : TCCCTCTGAAAGATTATA
	配列番号141 : CTCTACTAACCGCAACCGAT	配列番号142 : ACGGATGCGAGTCGATGATAG
	配列番号143 : CTAAATTCTTACAAAGATAGTG	配列番号144 : TATATCCATAAGGAAATGGAAAT
	配列番号145 : CTAAATTCTTACAAAGATAGTG	配列番号146 : TATATCCATAAGGAAATGGAAAT
	配列番号147 : GATTATGAAATAAGTTTATAG	配列番号148 : TTTCTCAACCAAAATAAATG
(i) <i>Clostridium butyricum</i>	配列番号149 : CAAGATTTCATCCGCGTAC	配列番号150 : GCATCACCAATATGGAATG
(j) <i>Clostridium difficile</i>	配列番号151 : CTCTTAAACTGGAGACTTGA	配列番号152 : TAACCCCAGAACACCTAG
	配列番号153 : CTCAAGCAGAAATAGACCA	配列番号154 : GCCCATTTGTTTATGTATTC
	配列番号155 : TCIGCTAGAAATAAGCCCTT	配列番号156 : TGCTTATCATAAAATGCCATT
(k) <i>Clostridium perfringens</i>	配列番号157 : CGCATATAATGTTAGAAGATGGC	配列番号158 : AGGCACTGCGCTTGTG
	配列番号159 : GGACATTTGTTGGATAATTAGG	配列番号160 : GGACCACCACTGTTAGAYAC
(l) <i>Cryptosporidium parvum</i>	配列番号161 : ATGGCTGACCAATCCGTC	配列番号162 : CGCAGGAGATGTTTATCCCTT
(m) <i>Entamoeba histolytica</i>	配列番号163 : GCACAAATTGGAAAAGAAC	配列番号164 : TCACACCATGCTTGTGATGACA
(n) <i>Escherichia coli</i> (E <sub>coli</sub> EC)	配列番号165 : TAGGGTTAGGGCACTATATA	配列番号166 : CTCTCGAGCATCAACATCG
	配列番号167 : TGCTCATCACACGTTATATCC	配列番号168 : AGTCCTTCATGACACAAAG
(o) <i>Escherichia coli</i> (E <sub>coli</sub> EC)	配列番号169 : CAAAAGACGATACCATCCGA	配列番号170 : CGCATTGAAATAAGAGATA
(p) <i>Escherichia coli</i> (E <sub>coli</sub> EC)	配列番号171 : CTACGGTTATGTTGAACG	配列番号172 : GAGGTTCACATATGGGACAT
	配列番号173 : CAGCTGCAAGACGACCT	配列番号174 : GCCAGTTCTGACATTC

【表4】

プライマーセット(内側-2)

対象微生物	塩基配列(5'→3')	
	ヤンスプライマー	アンチヤンスプライマー
(a) <i>Escherichia coli</i> (ETEC)	配列番号175: CAGGGATATAGAGACCGGT 配列番号177: CGCTCAGGATGCTAAACCGAG 配列番号179: CTGTATGCTCTTACACTT	配列番号176: GTGCTAGATTCGAGCTC 配列番号178: ATTCATGCTTCAGAACCCAC 配列番号180: AGACATCAACAGAAACGAAAC
(r) <i>Escherichia coli</i>	配列番号181: TGATAGTATCAGAATGGCC	配列番号182: CAAGAGGTGCCGAAACCTAAA
(s) <i>Giardia lamblia</i> group	配列番号183: CCCCTCCCTAGCGGACACC	配列番号184: ATGTCGGGGCGCTCTC
(t) <i>Listeria monocytogenes</i>	配列番号185: ATACACCE6AGAGATGCACTGAA 配列番号187: CATCCATGGACCCACCAA	配列番号186: CTGATTAGTCATCTCTGGC 配列番号188: CGGCACATTGTCACCTGC
(u) <i>Plesiomonas shigelloides</i>	配列番号189: GATAACTACCGGAAACTGTAGC	配列番号190: CCAGTGTACTGGTCATTCT
(v) <i>Salmonella</i> spp.	配列番号191: AAATCCCTTCAGCTGATCC 配列番号193: TTGAGCGGATTECCGGGTGAA	配列番号192: CGGAATGAGACGCTTAAGGC 配列番号194: GGCACGATCCGGCATCAATA
(w) <i>Salmonella typhi</i>	配列番号195: TCACTATTCTGGCCCTCCGA	配列番号196: CGCATCGAAAACAGCAATAAA
(x) <i>Shigella flexneri</i>	配列番号197: CAACAAAGGGACTATTTCGG	配列番号198: AGCCATCATAACCCATAACCG
(y) <i>Staphylococcus aureus</i>	配列番号199: TTTTACAGATCATCTGTTGTT 配列番号201: TATGATAAATTTCGAGTCGA 配列番号203: TGAGAGATAAATTTCGGCAC 配列番号205: CTCCTTTAACGTTAAAGCC 配列番号207: TTTCACAGGTCACTCCATGG	配列番号200: TGATCGGCACTTTTCTCT 配列番号202: CCCGAAACGTAATACTCTTA 配列番号204: CAAACTGGTTCTTCATGT 配列番号206: CCATTCTTTGAATTGAAAG 配列番号208: CGGTCAATCGGTATTATCA
(z) <i>Tropheryma whippelii</i> ( <i>Whipple Disease</i> )	配列番号209: CCTAACTTGGGATAACTTC 配列番号211: ATACCAAAATACGACCCATGA	配列番号210: GGCTACCCCTGATGGCTT 配列番号212: GIAACGTTACCTTCGCTCT
(aa) <i>Vibrio cholerae</i>	配列番号213: TCCAAGAGGAACTCAGACGG	配列番号214: CCCACCTAAACGAGAAACCTT
(bb) <i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	配列番号215: TAATACCCATAACCTGGCA	配列番号216: GCTGCATCAGGCTTGGCG
(cc) <i>Vibrio fluvialis</i>	配列番号217: AIGGCTGGGAAATTGGCCCTG	配列番号218: GATACCTCTTCGCACTGTC
(dd) <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	配列番号219: TGATAGCTTCGGCTAAAGA	配列番号220: CCACCTTCTCAGGGCTG
(ee) <i>Vibrio parahaemolyticus</i> group	配列番号221: CGCGTCATGTTAAAGGTCTC	配列番号222: GCTACAGAAATTAGGAATGTTG
(ff) <i>Vibrio</i> spp.	配列番号223: AACCGATGCTTAATACCCG	配列番号224: CATCAGGCTGGCCCGAT
(gg) <i>Versinia enterocytica</i>	配列番号225: TACCGCTATAACGGCTTCG	配列番号226: GTATTCGGCTTCGCT
(hh) <i>Versinia enterocytica</i> group	配列番号227: ATAACGCTTCGGACCAA	配列番号228: AACGTTAAAGTATTTGGCC

【0014】ここで「微生物」とは顕微鏡的な大きさの生物を意味し、細菌や菌類、原生動物、ウイルスなどを含む。また「分類範囲」とは、ある特定の種類に分類される微生物の集まりをいい、例えば、下位の種(species)から属(genus)、科(family)などの上位に向かう階層的な微生物の分類体系における、種としての大腸菌、属としてのエロモナス属、あるいはより上位の階層での菌類、などを挙げることができる。また、各表中の”spp”は、その属に属するすべての種を示し、”group”は、その種に属する株の集まりを示している。

【0015】したがって、請求項1の発明の微生物の検出方法によれば、ある微生物に特異的な遺伝子を標的とするプライマーを用いてPCR法を行い、目的とする増幅産物の生成を確認することにより、その試料中に当該微生物が含まれるか否かを判定する。これは、何らかの微生物が混入している試料には、必然的に当該微生物に由来する遺伝子DNAが含まれるという原理に基づいている。ここで、PCR法では、複数種類のプライマーセットを用いてそれぞれに増幅反応を行う。各プライマーセットは、予め設定された一定の温度サイクル条件下において、増幅反応が好適に進行するように設計されたものであり、特にアニーリングの温度条件が共通するよう

にその塩基配列や鎖長が設計されている。これによつて、広範囲の微生物を検出対象としながら、増幅条件における温度サイクル条件を共通化できる微生物の検出系が構築される。

【0016】そこで、表1乃至表4に示すように、特に人体に対し、下痢症状を引き起こす要因となるものを検出対象とし、これらの対象微生物の検出を目的とする複数種類のプライマーセットが用意される。これらのプライマーセットを組み合わせることで、広範囲の微生物が検出対象として網羅される。これらのプライマーセットはまた、一定の温度サイクル条件において標的とする遺伝子を増幅させるように設計されている。具体的には、表1及び表2に示すイ群の各プライマーは45~55°Cの温度範囲において、表3及び表4に示すロ群の各プライマーは55~65°Cの温度範囲において、それぞれに標的とする微生物の遺伝子に好適にアニーリングするよう、その塩基配列や鎖長が設計されている。なお、同一の対象微生物でも、プライマーセットの標的となる対象遺伝子が異なる場合には、それぞれの対象遺伝子に対応したプライマーセットが個々に設計されている(例えば、*Clostridium botulinum*など)。

【0017】請求項2の発明にかかる微生物の検出方法

は、請求項1に記載の微生物の検出方法において、前記イ群より選択されるプライマーセットとともに、前記ロ群より選択されるプライマーセットをネステッドプライマーとして用いるものである。

【0018】ここで、ネステッドプライマーとは、ネステッドPCR (Nested-PCR) 法において用いられるものであり、第一段階の増幅産物を錫型とし、その最初に用いたプライマーより内側に設定した別のプライマーに相当するものである。そして、このネステッドプライマーを用いて第二段階の増幅反応を行なうものであり、ネステッドプライマーは、二段階PCR法とも呼ばれている。

【0019】したがって、請求項2の微生物の検出方法によれば、請求項1の微生物の検出方法の作用に加え、表1及び表2に示すプライマーセットと表3及び表4に示すプライマーセットをネステッドプライマーとして併用してネステッドPCR法を行うことにより、検出の感度や特異性がより一層向上する。

【0020】請求項3にかかる微生物の検出用プライマーセットは、請求項1に記載の各群より選択される複数種類のプライマーセットで構成されるものである。

【0021】したがって、請求項3の微生物の検出用プライマーセットは、複数種類の病原性微生物を検出対象とするプライマーセットとして機能する。すなわち、これらのプライマーセットを用いることにより、請求項1に記載の発明の作用を奏する。

#### 【0022】

【発明の実施の形態】以下、本発明を詳細に説明する。本発明の微生物の検出方法は、所定の分類範囲において特異的かつ普遍的な塩基配列を持つ微生物の遺伝子を標的とするプライマーを用いて、前記分類範囲に属する前記微生物の前記遺伝子をPCR (ポリメラーゼ連鎖反応) 法により増幅して検出するものである。さらには、PCR法の増幅反応における温度サイクル条件を予め一定条件に設定するとともに、その設定条件下で、標的とされる遺伝子が増幅されるように設計されたプライマーセットを、検出対象とする複数種類の前記微生物のそれについて調整する工程と、検出対象とされる微生物のうち少なくとも一つを含む1種類を含むと思われる試料につき、準備された複数種類のプライマーセットをそれぞれ用いて、設定された前記温度サイクル条件に基づいて増幅反応を行なう工程とを備えることにより、複数種類の微生物を検出対象として、共通の条件で増幅反応を行わせることを可能とするものである。

【0023】なお、本発明の微生物の検出方法は、微生物に由来する遺伝子DNAが、試料中に一定の基準を超えて存在しているか否かを判定するものである。すなわち、PCR法による増幅反応の後、試料中にその遺伝子を錫型とする増幅産物が生成していれば、当該微生物が含まれる「陽性」と判定し、一方、増幅産物が生成して

いなければ、当該微生物は含まれない「陰性」と判定する。その判定の基準、すなわち増幅反応の感度は、検出の目的や検体の種類などに応じて調整することができる。具体的には、増幅反応のサイクル数や使用するプライマー量を調整することや、後述するネステッドPCR法を適用することなどによって行なうことができる。また、本方法では、検出対象とされる微生物に特異的な塩基配列を含む領域を標的とするプライマーセットを用いて、その微生物の遺伝子を特異的に増幅させるため、微生物の同定、すなわち、微生物の属する所定の分類範囲を増幅反応の段階で特定することができる。

【0024】本方法の特徴の一つは、PCR法の温度サイクル条件を予め一定条件に設定するとともに、設定された温度サイクル条件に適するプライマーを、検出対象とする複数種類の微生物について設計することにある。PCR法の温度サイクル条件とは、増幅反応におけるDNAの熱変性による一本鎖化、プライマーのアニーリング、及びポリメラーゼ伸長からなる増幅反応の各ステップの温度条件をいう。この中で、熱変性及び伸長反応の温度条件は、主にTaqポリメラーゼの種類によって設定されるが、アニーリングの温度条件は主にプライマーの種類によって設定される。詳しくは、通常アニーリング温度はプライマーDNAの融解温度 ( $T_m$ ) 値を基準に設定され、 $T_m$  値から5°C程度下げる値を設定することが多い。したがって、本発明では、アニーリング温度を多種類のプライマーで汎用可能な温度領域内に設定するとともに、その設定されたアニーリング温度に適する $T_m$  値を逆算して、その値に近似する $T_m$  値を持つようなプライマーを設計するという手順を踏まえるとよい。

【0025】検出対象とする微生物の種類は、測定しようとする試料の種類などに応じて選定し、例えば、その測定対象の試料に存在し得る各種微生物を広く網羅するようにして選定することが好ましい。本方法に供する試料には特に制限はないが、人体に対して下痢症状を引き起こす要因となる微生物を検出することを目的とするために、喀痰、血液、及び糞便などの各種臨床試料を生体試料として用いることが可能であり、特に糞便を試料として利用することが好適である。

【0026】本方法で用いるプライマーの設計に際しては、上述したようにその $T_m$  値に留意する必要がある。 $T_m$  値は正確には実験により求められるが、プライマーの塩基配列から推算することが可能であり、例えば、A又はTを2°C、G又はCを4°Cとして合計を求める方法がよく用いられている。検出対象とする各微生物について、特異的な塩基配列を持つ標的遺伝子から、目標とする $T_m$  値を有するプライマーを選択するのは意外と難しいが、プライマーの鎖長を変えることで、その $T_m$  値をある程度調整することができる。なお、この他にも一般的なプライマーの条件を満たす必要がある。具体的には、15~30塩基程度の鎖長を有すること、センスプ

ライマーとアンチセンスプライマーの $T_m$ 値が近似すること、プライマーが二次構造をとったり自己アニールを起こすような自己相補的配列を含まないこと、二本のプライマー同士がアニールしてプライマーダイマーを形成しないこと、部分的にGCリッチあるいはATリッチな塩基配列が連ならないようにすること、などが挙げられる。

【0027】本方法で用いるプライマーは、常法にしたがって調製すればよい。例えば、DNA合成装置などを用いて所定の塩基配列を有するDNA断片を合成した後、液体クロマトグラフィーなどによって精製して調製することができる。

【0028】また、本方法では、ネステッドPCR法を用いて増幅反応を行うことが好ましい。ネステッドPCR法は二段階PCR法とも呼ばれ、第1段階の増幅産物を鋳型とし、その最初に用いたプライマーセットより内側に設定した別のプライマー（ネステッドプライマー）を用いて、第2段階の増幅反応を行うものである。また、このネステッドPCR法を適用する場合には、第1段階と第2段階のそれぞれの温度サイクル条件を異ならせて増幅反応を行うとよい。具体的には、第1段階のアニーリング温度は45～55°C、好ましくは48～55°Cの範囲内で設定するとともに、第2段階のアニーリング温度は55～65°C、好ましくは55～62°Cの範囲

内で設定するとよい。この場合、第1段階では、プライマーがアニーリングしやすい比較的穏やかな条件に設定されることから、標的遺伝子を確実に捕捉して感度を優先した増幅反応を行うことができる。一方、第2段階では、プライマーが非相補的な配列にアニーリングしにくいストリンジエントな条件に設定されることから、特異性を優先させた増幅反応を行うことができる。

【0029】続いて、本発明の微生物の検出方法を、臨床試料として糞便より採取される試料を測定対象とする微生物の検出系に具体化した一実施形態に基づいて、下痢症状を引き起こす下痢起因性の微生物の特定を行なうための微生物検出系の構築を試みた。

【0030】その具体的手段は、表1乃至表4に示す複数種類のプライマーセットをそれぞれに用いて、一定条件下でPCR法の増幅反応を行なうものである。さらに、本実施形態ではネステッドPCR法を適用し、表1及び表2の(A)～(HH)を第一段階の増幅反応における外側のプライマーとして用いるとともに、表3及び表4の(a)～(hh)を第二段階の増幅反応における内側のネステッドプライマーとして用いる。これらのプライマーセットが標的とする遺伝子、及びその増幅産物の鎖長を下記の表5乃至表7に示す。

### 【0031】

#### 【表5】

プライマーセット(1)					
プライマー 外+内	対象微生物	分類	対象遺伝子	増幅産物長 外側	内側
(A)+(a)	<i>Aeromonas hydrophila</i>	Bacteria	Enterotoxin(alt)	437	303
(B)+(b)	<i>Aeromonas spp.</i>	Bacteria	16S rRNA	383	248
(C)+(c)	<i>Bacillus cereus</i> group	Bacteria	Haemolysin	354	202
(D)+(d)	<i>Bacteroides fragilis</i>	Bacteria	fragilysin metaloprotease	417	252
(E)+(e)	<i>Campylobacter jejuni</i>	Bacteria	Specific 16S rRNA	210	181
(F)+(f)	<i>Campylobacter jejuni/coli</i>	Bacteria	Group 16S rRNA	541	276
(G)+(g)	<i>Campylobacter spp.</i>	Bacteria	Specific 16S rRNA	353	101
(H)+(h)	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	A toxin	374	163
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	B neurotoxin	302	186
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	C1 neurotoxin	354	283
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	C2 neurotoxin	398	232
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	D toxin	385	184
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	E toxin	340	178
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	F toxin	420	187
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	Botulinum toxin A/B	336	141
	<i>Clostridium botulinum</i>	Bacteria	Botulinum toxin C	339	141
(I)+(i)	<i>Clostridium butyricum</i>	Bacteria	Botulinum Toxin E/F	500	336
	<i>Clostridium butyricum</i>	Bacteria	toxin :enterotoxin	361	230
	<i>Clostridium difficile</i>	Bacteria	16S rRNA	317	210
(J)+(j)	<i>Clostridium difficile</i>	Bacteria	toxin A	381	163
	<i>Clostridium difficile</i>	Bacteria	toxin B	340	224

【表6】

【0032】

プライマーセット(2)

プライマー 外+内	対象微生物	分類	対象遺伝子	増幅産物長 外側 内側	備考 (AN=配列番号)
(K)+(k)	<i>Clostridium perfringens</i>	Bacteria	16S rRNA	360 116	AN43,44+AN157,158
	<i>Clostridium perfringens</i>	Bacteria	toxin:ent	345 232	AN45,46+AN159,160
(L)+(l)	<i>Cryptosporidium parvum</i>	Protozoa	HSP70	357 229	
(M)+(m)	<i>Entamoeba histolytica</i>	Protozoa	HSP protein:P30 gene	341 251	
(N)+(n)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EsxEc</i> )	Bacteria	pCVD432	630 250	AN51,52+AN165,166
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EagEC</i> )	Bacteria	EAST1	175 92	AN53,54+AN167,168
(O)+(o)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EIEC</i> )	Bacteria	virB	328 170	
(P)+(p)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EHEC</i> )	Bacteria	Shiga toxin 1	378 248	AN57,58+AN171,172
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EHEC</i> )	Bacteria	Shiga toxin 2	413 307	AN59,60+AN173,174
(Q)+(q)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	Bacteria	toxin:LT toxin	297 198	AN61,62+AN175,176
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	Bacteria	ST1 toxin	171 108	AN63,64+AN177,178
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	Bacteria	ST II toxin	321 245	AN65,66+AN179,180
(R)+(r)	<i>Escherichia coli</i>	Bacteria	toxin:intimin:se	386 230	
(S)+(s)	<i>Giardia lamblia group</i>	Protozoa	18S rRNA	439 210	
(T)+(t)	<i>Listeria monocytogenes</i>	Bacteria	listeriolysin O (hlyA)	390 263	AN71,72+AN185,186
	<i>Listeria monocytogenes</i>	Bacteria	listeriosin	336 151	AN73,74+AN187,188
(U)+(u)	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	Bacteria	group 16S rRNA	409 171	
(V)+(v)	<i>Salmonella spp.</i>	Bacteria	toxin: enterotoxin ent	347 202	AN77,78+AN191,192
	<i>Salmonella spp.</i>	Bacteria	virulence:invA	422 237	AN79,80+AN193,194
(W)+(w)	<i>Salmonella typhi</i>	Bacteria	virulence:vipR	409 259	
(X)+(x)	<i>Shigella flexneri</i>	Bacteria	inv G factor	379 164	
(Y)+(y)	<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria	toxin:SEA	430 212	AN85,86+AN199,200
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria	toxin:SEB	368 226	AN87,88+AN201,202
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria	toxin:SEC	391 251	AN89,90+AN203,204
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria	toxin:SED	341 249	AN91,92+AN205,206
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria	toxin:SEE	439 192	AN93,94+AN207,208

【0033】

【表7】

プライマーセット(3)

プライマー 外+内	対象微生物	分類	対象遺伝子	増幅産物長 外側 内側	備考 (AN=配列番号)
(Z)+(z)	<i>Tropheryma whippelii</i> ( <i>Whipple Disease</i> )	Bacteria	16S rRNA	360 156	AN95,96+AN209,210
	<i>Tropheryma whippelii</i> ( <i>Whipple Disease</i> )	Bacteria	16S rRNA	325 299	AN97,98+AN211,212
(AA)+(aa)	<i>Vibrio cholerae</i>	Bacteria	toxin:CTA	494 223	
(BB)+(bb)	<i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	Bacteria	Group 16S rRNA	330 226	
(CC)+(cc)	<i>Vibrio fluvialis</i>	Bacteria	16S rRNA	431 342	
(DD)+(dd)	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Bacteria	Specific 16S rRNA	425 278	
(EE)+(ee)	<i>Vibrio parahaemolyticus group</i>	Bacteria	haemolysin(Tdh)	368 245	
(FF)+(ff)	<i>Vibrio spp.</i>	Bacteria	Group 16S rRNA	450 234	
(GG)+(gg)	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Bacteria	Group 16S rRNA	376 290	
(HH)+(hh)	<i>Yersinia enterocolitica</i> group	Bacteria	Group 16S rRNA	316 234	

【0034】各プライマーセットの標的は、リボソームRNA (rRNA)、熱ショックタンパク質 (HSP) をコードする遺伝子、及びボツリヌス毒素及び腸管毒素などの種々の毒素 (toxin)などをコードする遺伝子をそれぞれ対象としている。

【0035】次いで、表1乃至表4に示すプライマーセ

ットが検出対象とする各微生物について説明する。なお、以下の説明では便宜上、プライマーセット(A)～(HH)のみを表記しているが、ネステッドプライマーのセット(a)～(h h)を組み合わせて用いる場合を含むものとする。

【0036】プライマーセット(A)は、エロモナス・ヒ

ドロフィラ (*Aeromonas hydrophila*) の細菌を検出対象とし、プライマーセット(B)は、エロモナス (*Aeromonas*) 属を検出対象とする。エロモナス属の細菌は、淡水中の常在菌であり、運動性のあるグラム陰性桿菌であり、エロモナス・ヒドロフィラ及びエロモナス・ソブリア (*A. sobria*)は、食中毒の原因菌となっている。さらに、日和見感染症として、敗血症、創傷感染、心内膜炎などを引き起こすこともある。

【0037】プライマーセット(C)は、バシラス・セレウス (*Bacillus cereus* group) 群を検出対象とする。バシラス・セレウスは、毒素型食中毒を起こし、下痢、腹痛を伴う下痢型と、吐気及び嘔吐を伴う嘔吐型の二つのタイプがある。

【0038】プライマーセット(D)は、バクテロイデス・フラジリス (*Bacteroides fragilis*) を検出対象とする。バクテロイデス・フラジリスは、糞便中の最優勢菌群であり、腹腔内感染症や敗血症を起こす。

【0039】プライマーセット(E)は、カンピロバクター・ジェジュニ (*Campylobacter jejuni*) の細菌を検出対象とし、プライマーセット(F)は、カンピロバクター・ジェジュニ/コリ (*Campylobacter jejuni/coli*) の細菌を検出対象とし、プライマーセット(G)は、カンピロバクター (*Campylobacter*) 属の細菌を検出対象とするものである。これらの微生物は、下痢や食中毒の起因菌となり、特に、小児集団食中毒や乳幼児下痢症の原因菌となる。これらは、感染後に腸管粘膜へ侵入し、下痢、発熱、腹痛、嘔吐などの症状を起こす。また、カンピロバクター・ジェジュニ/コリは、主に牛、鶏、豚などが保菌しているため、これらが感染源となることが多い。

【0040】プライマーセット(H)は、クロストリジウム・ボツリナム (*Clostridium botulinum*, ボツリヌス菌) の細菌を検出対象とするものである。ボツリヌス菌は、嫌気性で増殖し、神経毒による食中毒を引き起こす(ボツリヌス中毒)。ボツリヌス毒素は腸管から吸収され、筋肉の麻痺を起こす。特に、死亡率が高い場合もあり、早期治療を必要とするものである。

【0041】プライマーセット(I)は、クロストリジウム・ブチリカム (*Clostridium butyricum*) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット(J)は、クロストリジウム・ディフィシレ (*Clostridium difficile*) の細菌を検出対象とするものである。クロストリジウム・ブチリカムは、グラム陽性偏性嫌気性細菌であり、その神経毒素産生性株は、食中毒を引き起こす。一方、クロストリジウム・ディフィシレは、リンコマイシンやクリンダマイシンなどの抗生素質投与後に起こる偽膜性大腸炎の原因菌となる。抗生素質の投与による大腸細菌叢の乱れによるものであり、症状は腹痛、下痢、発熱、及び白血球増加が見られる。

【0042】プライマーセット(K)は、クロストリジ

ウム・パーフリンジエンス (*Clostridium perfringens*, ウエルシュ菌) の細菌を検出対象とするものであり、耐熱性の芽胞が生存し、かつ酸素のない腸管に入つて嫌気性菌に増殖し、生体内毒素を産生するものである。これにより、ガス壊疽や食中毒の原因菌となる。

【0043】プライマーセット(L)は、クリプトスピリジウム・パルブム (*Cryptosporidium parvum*) の原生動物を検出対象とするものであり、水系の汚染を感染源として下痢を特徴とするクリプトスピリジウム症を起こす病原虫として知られている。プライマーセット(M)は、エントアーベ・ヒストリティカ (*Entamoeba histolytica*, 赤痢アーベ) の原生動物を検出対象とするものであり、下痢、粘血便の赤痢様症状を呈する。原虫は、血行性に転移し、肝、肺、脳に腫瘍を作ることがある。

【0044】プライマーセット(N)は、腸管凝集付着性大腸菌 (エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli* (Eag gEC))) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット(O)は、腸管組織侵入性大腸菌 (エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli* (EIEC))) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット(P)は、腸管出血性大腸菌 (エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli* (EHEC))) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット(Q)は、毒素原性大腸菌 (エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli* (ETEC))) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット(R)は、大腸菌 (*Escherichia coli*) の病原因子の一つであるインティミン (intimin (接着因子)) 産生遺伝子 (eaeA) を検出対象とする。大腸菌は、ヒトや動物の腸管に存在する常在菌であり、糞便中に含まれている。さらに、詳しく説明すると、腸管凝集付着性大腸菌は、遷延性下痢、発熱、腹痛、恶心、嘔吐の症状を呈し、腸管組織侵入性大腸菌は、粘血便、発熱、嘔氣、腹痛、嘔吐の症状を呈し、腸管出血性大腸菌は、血便、腹痛、嘔吐、嘔氣、発熱の症状を呈し、毒素性大腸菌は水様性下痢、腹痛、発熱、嘔吐の症状を呈することがある。

【0045】プライマーセット(S)は、ギアルディア・ランブリア (*Giardia lamblia* group, ランブル鞭毛虫) の原生動物を検出対象とするものであり、脂肪性の下痢、栄養不良、胆囊炎など症状を起こす。また、プライマーセット(T)は、リステリア・モノサイトゲネス (*Listeria monocytogenes*) の細菌を検出対象とするものであり、成人では日和見感染を起こす。症状は、髄膜炎、敗血症、心内膜症、肺炎を呈することがあり、致命率の高い細菌である。プライマーセット(U)は、プレジオモナス・シゲロイデス (*Plesiomonas shigelloides*) の細菌を検出対象とするものであり、淡水中に常在し、淡水魚などを通じて経口感染を起こし、急性胃腸炎の原因となる。

【0046】プライマーセット(V)は、サルモネラ属

(*Salmonella* spp.) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (W) は、サルモネラ・タイフィ (*Salmonella typhi*, チフス菌) の細菌を検出対象とするものである。サルモネラ属菌は、2つの臨床病型に分けられ、いずれも経口感染する。チフス菌またはパラチフス菌によって発症するチフス症（腸チフス・パラチフス）は、敗血症を起こし、高熱、バラ疹、腫瘍などの症状を呈する。一方、上記以外に属するサルモネラ属は、発熱、下痢、腹痛などを伴う急性胃腸炎症状を呈する食中毒の原因菌となる。プライマーセット (X) は、シゲラ・フレクスネリ (*Shigella flexneri*, フレクスナー赤痢菌) の細菌を検出対象とするものであり、粘血性の便や、発熱、膿、しぶり腹などの症状を呈する。

【0047】プライマーセット (Y) は、スタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*, 黄色ブドウ球菌) の細菌を検出対象とするものであり、黄色ブドウ球菌は主な症状として、化膿性炎症、食中毒、ブドウ球菌性皮膚剥脱症候群、毒素性ショック症候群などを引き起こす。プライマーセット (Z) は、トロフェリマ・ウィッペリ (*Tropheryma whippelii* (Whipple's Disease)) の細菌を検出対象とするものであり、トロフェリマ・ウィッペリは、膠原病の一種である Whipple disease の原因菌とされるものである。

【0048】プライマーセット (AA) は、ビブリオ・コレラ (*Vibrio cholerae*, コレラ菌) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (BB) は、ビブリオ・コレラ/ミミカス (*Vibrio cholerae/mimicus*) の細菌を検出するものであり、プライマーセット (CC) は、ビブリオ・フルビアリス (*Vibrio fluvialis*) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (DD) は、ビブリオ・バラヘモリティカス (*Vibrio parahaemolyticus*, 腸炎ビブリオ) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (EE) は、ビブリオ・バラヘモリティカス群 (*Vibrio parahaemolyticus* group) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (FF) は、ビブリオ属 (*Vibrio* spp.) の細菌を検出対象とするものである。コレラ菌は、激しい水様性の下痢を発症する。また、ビブリオ・ミミカス及びビブリオ・フルビアリスは、海水や河水中に存在し、魚介類を介して食中毒を起こす原因菌となる。さらに、腸炎ビブリオは、海水中に生息する好塩菌であり、汚染された魚介類を経口摂取することにより発症し、下痢、腹痛、嘔吐、発熱などの症状を引き起こす。

【0049】プライマーセット (GG) は、エルシニア・エンテロコリティカ (*Yersinia enterocolitica*) の細菌を検出対象とするものであり、プライマーセット (HH) は、エルシニア・エンテロコリティカ群 (*Yersinia enterocolitica* group) の細菌を検出対象とするものである。エルシニア・エンテロコリティカは、豚や犬などの腸管に分布し、急性胃腸炎（食中毒）、終末回

腸炎、腸管膜リンパ節炎、虫垂炎、結節性紅斑、関節炎、敗血症などを引き起こす。

【0050】次いで、上記の各プライマーセットを用いる微生物の検出方法の操作手順を、図1を参照しながら説明する。本実施形態では、図1に示すように、DNAの抽出、PCR法（ネステッドPCR）による増幅反応、及び増幅産物の検出の三段階によって、微生物の検出操作を行う。すなわち、PCR増幅反応を主として、その前後の工程で必要な処理を行う。

【0051】まず、PCRの実施に先立ち、試料中に含まれる（と思われる）微生物の細胞から、遺伝子DNAを抽出するための操作が行われる。具体的には、タンパク質分解酵素（プロテアーゼ）処理や変性剤などによって化学的に細胞を破壊し、あるいはビーズや超音波処理などによって物理的に細胞を破壊することなどにより、DNAを抽出する。

【0052】続いて、ネステッドPCR法による二段階の増幅反応が行われる。第1段階では、先にDNAを抽出した試料について、表1及び表2に示す外側のプライマーセット (A)～(H)をそれぞれに用いて増幅反応を行う。詳しくは、図1に示すように、反応液R1a, R1b, R1c…には、(A), (B), (C)…のプライマーセットが添加されており、これらの反応液を共通の温度サイクル条件T1下で制御することによって増幅反応を行う。ここで温度サイクル条件T1は、そのアニーリング温度が45～55°C、好ましくは48～55°Cの範囲内で設定される。

【0053】次の第2段階では、第1段階の各反応液R1a, R1b, R1c…を一部採取し、これを試料として、表3及び表4に示す内側のプライマー（ネステッドプライマー）のセット(a)～(h)をそれぞれに用いる。詳しくは、反応液R2a, R2b, R2c…には、(a), (b), (c)…のプライマーセットが添加されており、これらの反応液を共通の温度サイクル条件T2下で制御することによって、再度増幅反応を行う。ここで温度サイクル条件T2は、そのアニーリング温度が55～65°C、好ましくは55～62°Cの範囲内で設定される。

【0054】このように、複数種類のプライマーセットを用いることにより、各プライマーセットについて特異性の高い検出が可能となる。また、温度サイクル条件T1, T2が、各プライマーセット間で共通化されていることから、その増幅反応を同時に行わせることができ、検出操作の能率を向上させることができる。

【0055】生成した増幅産物の検出は、電気泳動法又はハイブリダイゼーション法により行う。電気泳動法では、エチジウムプロマイドなどにより泳動後のゲルを染色し、表5乃至表7に示す鎖長を持つ増幅産物を検出することにより、目的とする遺伝子が増幅されているかを確認することができる。また、ハイブリダイゼーション

法では、その増幅産物に特異的なDNAプローブを用いることによって検出することができる。

【0056】以上のように、本実施形態の微生物の検出方法によれば、広範囲の微生物を検出対象しながら、複数種類のプライマーセットを用いて共通の条件下で同時に増幅させることができる。また、ネステッドPCRを適用することによって、きわめて高感度の検出が可能であり、およそ10~100 cell/m<sup>1</sup>という低濃度の微生物の遺伝子を捕捉することができる。これらについては、後述する実施例における実験結果によって証明する。

【0057】本実施形態の微生物の検出方法は、前述したように生体試料中の微生物の存在（汚染）を検出するといった目的に、特に好適に用いることができる。すなわち、微生物の特定を特に迅速に行なう必要が有る場合に、対象となる微生物の同定をきわめて簡便な操作によって調べることができる。

【0058】ところで、上述した実施形態では、高感度の検出を必要としない場合、例えば、微生物が高濃度に含まれる試料について、その同定を主目的とするような場合は、通常のPCR法による一段階のみの増幅反応で十分である。したがって、まず第1段階の外側の増幅反応を行い、ここで目的とする微生物の遺伝子が良好に増幅されていると判断されれば、その後の第2段階を省略しても差し支えない。この場合は、表5乃至表7における外側の増幅産物の鎖長を基に確認することによって、目的とする増幅産物の確認を行うことができる。

【0059】また、(A)~(HH)及び(a)~(hh)のいずれか一方の組み合わせのプライマーセットにより、通常の（一段階のみの）PCR法を行うようにしてもよい。この場合、いずれの組み合わせのプライマーセットを用いるかによって、温度サイクル条件を変更する必要がある。すなわち、前者の場合はそのアニーリング温度を45~55°Cの範囲内で、後者の場合は55~65°Cの範囲内で設定する。

【0060】また、(A)~(HH)（又は(a)~(hh)）の57種類全てのプライマーセットを同時に使用する必要はない。その都度、必要とされるプライマーセットを取捨選択して使用すればよく、あるいは他種類の微生物を検出するためのプライマーセットをさらに組み合わせても構わない。

【0061】本実施形態の微生物の検出方法を行ううえで必要な成分を、予めセットしたキットとして商業的に

供給することができる。例えば、表1乃至表4に示す各プライマーセットを別々の容器の内部に予め付着させ、この状態でユーザーに供給する。この場合、ユーザーは試料とともにPCR反応に必要な酵素（Taqポリメラーゼ）やdNTPなどを含む緩衝液（PCR反応液）をこの容器に入れ、PCR装置にセットするだけでよい。PCR反応液としては、市販されている様々なPCRキットからユーザーが適宜選択して用いることができる。

【0062】なお、本発明の微生物の検出方法は、上述した実施形態に限定されるものではなく、請求項に記載された範囲を逸脱しない限りにおいて変更が可能である。例えば、プライマーセットは標的とする微生物の遺伝子を特異的に検出可能であれば、異なる塩基配列を持つものであってもよい。また、例えば、検出対象とする微生物は、検出の目的や測定しようとする試料の種類（環境試料及び生体試料）などに応じて任意に選択すればよい。すなわち、本発明に基づく方法論は、プライマーの塩基配列や微生物の種類、測定試料などに制限はなく、あらゆるものを対象として適用可能である。ただし、測定に供する試料の種類によっては、増幅反応を阻害するような不純物が反応液に混入する可能性がある。このような場合は、PCRの実施に先立ち、試料から核酸成分を抽出するとともに不純物を除去する前処理を入念に施すこと、本発明の特徴である高い検出感度を維持することができる。

【0063】また、例えば、ホットスタートPCRやリアルタイムPCR、マイクロプレートPCR、キャピラリーPCRなど、他種類のPCRの変法・改良法を、試験の目的に応じて適宜利用してもよい。これによって、本発明の応用範囲を様々な分野に広げることができる。

#### 【0064】

【実施例】以下、本発明を実施例に基づき具体的に説明するが、本発明はこの実施例で示す方法に限定されるものではない。本実施例では、表1乃至表4に示すプライマーセットの性能を確認するための試験を行った。供試試料としてのプライマーセットは、表1乃至表4の塩基配列を持つDNA断片を、定法にしたがって調製して用いた。また、供試微生物としては、下記の表8及び表9に示す基準株を用いた。これらを菌種に合わせた培地で培養し、対数増殖期の菌体を滅菌超純水にて希釈して、所定の濃度の菌液を調製した。

#### 【0065】

##### 【表8】

## 供試微生物(基準株)-1

No.	名稱	使用菌株No.	分類
(1)-1	<i>Aeromonas hydrophila</i>	GTC140(GIFU3173)	Bacteria
(1)-2	<i>Aeromonas spp.</i>	GTC140(GIFU3173(A. <i>hydrophila</i> )/GIFU11325(A. <i>sobria</i> ))	Bacteria
(2)-1	<i>Bacillus cereus</i> group	GIFU12028	Bacteria
(3)	<i>Bacteroides fragilis</i>	GTC1774(GAI96447)	Bacteria
(4)-1	<i>Campylobacter jejuni</i>	GTC259(GIFU8734)	Bacteria
(4)-2	<i>Campylobacter coli</i>	GTC1672(GIFU8733)	Bacteria
(4)-3	<i>Campylobacter spp.</i>	GTC259(GIFU8734(C. <i>jejuni</i> ))/ GTC1672(GIFU8733(C. <i>coli</i> ))/ GTC526(GIFU8735(C. <i>fetus</i> ))	Bacteria
(5)-1	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1788(KZ532)	Bacteria
(5)-2	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1789(KZ533)	Bacteria
(5)-3	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1790(KZ536)	Bacteria
(5)-4	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1791(KZ537)	Bacteria
(5)-5	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1792(KZ582)	Bacteria
(5)-6	<i>Clostridium botulinum</i>	GTC1793(KZ582)	Bacteria
(6)	<i>Clostridium butyricum</i>	GTC1351	Bacteria
(7)	<i>Clostridium difficile</i>	GTC180(GIFU7626)	Bacteria
(8)	<i>Clostridium perfringens</i>	GTC166(GIFU5258)	Bacteria
(9)	<i>Cryptosporidium parvum</i>	environment	Protozoa
(10)	<i>Entamoeba histolytica</i>	environment	Protozoa
(11)-1	<i>Escherichia coli</i> (EggEC)	GTC840	Bacteria
(11)-2	<i>Escherichia coli</i> (EggEC)	GTC837	Bacteria
(11)-3	<i>Escherichia coli</i> (EIEC)	GTC1058	Bacteria
(11)-4	<i>Escherichia coli</i> (EHEC)	GTC1061	Bacteria
(11)-5	<i>Escherichia coli</i> (ETEC)	GTC1066	Bacteria
(11)-6	<i>Escherichia coli</i> (ETEC)	GTC1065	Bacteria
(12)	<i>Giardia lamblia</i> group	environment	Protozoa
(13)	<i>Listeria monocytogenes</i>	GTC149(GIFU3188)	Bacteria
(14)	<i>Plasmodonas shigelloides</i>	GTC410(GIFU11339)	Bacteria
(15)	<i>Salmonella</i> spp.	GTC105(S. <i>typhi</i> )/ GTC133(S. <i>typhimurium</i> )/ GTC131(S. <i>enteritidis</i> )	Bacteria

※GTC:Department of Microbiology, Gifu University School of Medicine  
KZ :Department of Bacteriology, School of Medicine, Kanazawa University  
GAI :Institute of Anaerobic Bacteriology, Gifu University School of Medicine

【0066】

【表9】

## 供試微生物(基準株)-2

No.	名稱	使用菌株No.	分類
(16)	<i>Salmonella typhi</i>	GTC105(GIFU2922)	Bacteria
(17)	<i>Shigella flexneri</i>	GTC282(GIFU8908)	Bacteria
(18)-1	<i>Staphylococcus aureus</i>	GTC1770	Bacteria
(18)-2	<i>Staphylococcus aureus</i>	GTC1771	Bacteria
(18)-3	<i>Staphylococcus aureus</i>	GTC1772	Bacteria
(18)-4	<i>Staphylococcus aureus</i>	GTC1773	Bacteria
(18)-5	<i>Staphylococcus aureus</i>	GTC1782	Bacteria
(19)	<i>Tropheryma whippelii</i> (Whipple Disease)	environment	Bacteria
(20)-1	<i>Vibrio cholerae</i>	GTC37	Bacteria
(20)-2	<i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	GTC37(V. <i>cholerae</i> )/ GTC334(V. <i>mimicus</i> )	Bacteria
(20)-3	<i>Vibrio fluvialis</i>	GIFU8917	Bacteria
(20)-4	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	GTC41	Bacteria
(20)-5	<i>Yersinia enterocolitica</i>	GTC127(GIFU3138)	Bacteria

※GTC:Department of Microbiology, Gifu University School of Medicine  
KZ :Department of Bacteriology, School of Medicine, Kanazawa University  
GAI :Institute of Anaerobic Bacteriology, Gifu University School of Medicine

【0067】実験の操作手順は、図1に示すようにDNAの抽出、PCR反応、増幅産物の検出の各工程の順序にしたがって行った。以下、各工程毎にその条件を記す。

【0068】DNAの抽出は、各微生物の菌液500μlに、糞便中の非病原性微生物の代用として、E. coli DH5αの菌液を終濃度10<sup>8</sup>cell/m<sup>1</sup>になるように添加し、12000×gにて10分間遠心分離した。そして、上清を取り除いた後の沈さに、0.1mm径ガラ

スピーズ100mgおよび1mm径ジルコニアビーズを1粒添加し、FastPrep mixer (フナコシ株式会社)を用いて、speed=5.5, time=30の破碎条件にて物理的に細胞を破碎した。

【0069】そして、アクロモバクター属性溶菌酵素(アクロモペプチダーゼ)を終濃度500μg/m<sup>1</sup>になるように添加し、55°Cにて20分間インキュベート後、さらにSDS (Sodium dodecyl sulfate)を終濃度2%、蛋白質分解酵素(proteinaseK)を終濃度50μ

g/m<sup>1</sup> になるように添加し、55°Cにて20分間インキュベートした。

【0070】そして、100°Cで3分間加熱し、氷上で1分間冷却後、塩化ナトリウムを終濃度2.5Mになるように添加し、よく懸濁したのち、室温にて20分間静置した。さらに、12000×gにて10分間遠心分離し、上清を除去後、ビーズに滅菌水100μlを添加・攪拌したものを次工程のPCRの試料として用いた。

【0071】PCR法による増幅反応は、PCRキットとしてHotStarTaq DNA polymerase (株式会社キヤゲン) を用いて行った。反応液の組成は、第1段階の増幅反応の場合、10μlの試料に、4μlの10×PCR緩衝液 (pH 8.7) と、プライマーセット (終濃度0.4μM) 、dNTP (同0.25mM) 、Taqポリメラーゼ (同0.0125unit/μl) 、及びMgCl<sub>2</sub> (同1.5mM) の各成分とを加え、全液量が20μlとなるように滅菌超純水で希釈して調製した。また、第2段階の増幅反応の場合は、第1段階の増幅反応による反応液を1μl採取して試料とし、第1段階の増幅反応と同様の組成の反応液を調製して用いた。

【0072】PCR装置として、GeneAmp PCR System 9700 (PERKIN ELMER Corporation) を用いて、次に示す温度サイクル条件にて制御することにより行った。第1段階の温度サイクルは、熱変性：94°C/20秒、アニーリング：50°C/30秒、伸長反応：74°C/40秒で行い、第2段階の温度サイクルは、アニーリングを6

0°C/30秒に変更して行った。また、この温度サイクルを、第1段階及び第2段階のそれぞれについて30サイクル繰り返して増幅反応を行った。

【0073】PCRにより得られた増幅産物は、1%アガロースゲルを用いた電気泳動法により泳動した後、エチジウムブロマイドにより染色してその鎖長を確認した。なお、各増幅産物の鎖長は表5乃至表7に示す数値を基準とした。

【0074】本実施例では、微生物の検出感度及び特異性をそれぞれ確認するための試験を行った。検出感度の試験は、表8及び表9に示す各微生物の基準株について、2×10<sup>7</sup>~2cell/m<sup>1</sup> (PCR反応液として10<sup>7</sup>~1cell/m<sup>1</sup>) となるように段階希釈した菌液を調製し、これを試料として、上記各工程の手順にしたがって検出操作を行った。その実験の結果を表10乃至表12に示す。ここで、それぞれの表中に菌数は"cell/m<sup>1</sup>"の単位で示してある。また、各項目の"○"は、検出有りを示し、"×"は、不検出を示している。表10乃至表12から明らかに示されるように、ネステッドPCR法を用いることにより、検出感度を飛躍的に向上させることが可能であり、いずれの微生物においても、10~100cell/m<sup>1</sup>レベルでの検出が可能であった。

【0075】

【表10】

実験結果(検出感度)-1

プライマー 外+内	対象微生物	対象遺伝子	第1段階(外側) ／箇数				第2段階(内側) ／箇数				備考 (AN=配列番号)
			10 <sup>7</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>2</sup>	10	1	
(A)+(a)	<i>Aeromonas hydrophila</i>	Enterotoxin (alt)	○	○	○	×	○	○	○	×	
(B)+(b)	<i>Aeromonas spp.</i>	16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(C)+(c)	<i>Bacillus cereus</i> group	Haemolysin	○	○	×	×	○	○	×	×	
(D)+(d)	<i>Bacteroides fragilis</i>	fragilysin metaloprot	○	○	○	×	○	○	○	×	
(E)+(e)	<i>Campylobacter jejuni</i>	Specific 16S rRNA	○	○	×	×	○	○	×	×	
(F)+(f)	<i>Campylobacter jejuni/coli</i>	Group 16S rRNA	○	○	×	×	○	○	×	×	
(G)+(g)	<i>Campylobacter spp.</i>	Specific 16S rRNA	○	○	×	×	○	○	×	×	
(H)+(h)	<i>Clostridium botulinum</i>	A toxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN15,16+AN129,130
	<i>Clostridium botulinum</i>	B neurotoxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN17,18+AN131,132
	<i>Clostridium botulinum</i>	C1 neurotoxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN19,20+AN133,134
	<i>Clostridium botulinum</i>	C2 neurotoxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN21,22+AN135,136
	<i>Clostridium botulinum</i>	D toxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN23,24+AN137,138
	<i>Clostridium botulinum</i>	E toxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN25,26+AN139,140
	<i>Clostridium botulinum</i>	F toxin	○	○	×	×	○	○	×	×	AN27,28+AN141,142
	<i>Clostridium botulinum</i>	Botulinum toxin A/B	○	○	×	×	○	○	×	×	AN29,30+AN143,144
	<i>Clostridium botulinum</i>	Botulinum toxin C	○	○	×	×	○	○	×	×	AN31,32+AN145,146
	<i>Clostridium botulinum</i>	Botulinum Toxin E/F	○	○	×	×	○	○	×	×	AN33,34+AN147,148
(I)+(i)	<i>Clostridium butyricum</i>	toxin:enterotoxin	○	○	×	×	○	○	×	×	
(J)+(j)	<i>Clostridium difficile</i>	16S rRNA	○	○	×	×	○	○	×	×	AN37,38+AN151,152
	<i>Clostridium difficile</i>	toxin A	○	○	×	×	○	○	×	×	AN39,40+AN153,154
	<i>Clostridium difficile</i>	toxin B	○	○	×	×	○	○	×	×	AN41,42+AN155,156
(K)+(k)	<i>Clostridium perfringens</i>	16S rRNA	○	○	×	×	○	○	×	×	AN43,44+AN157,158
	<i>Clostridium perfringens</i>	toxin:ent	○	○	×	×	○	○	×	×	AN45,46+AN159,160
(L)+(l)	<i>Cryptosporidium parvum</i>	HSP70	-	-	-	-	-	-	-	-	
(M)+(m)	<i>Entamoeba histolytica</i>	HSP protein:P30 gene	-	-	-	-	-	-	-	-	

【0076】

【表11】

実験結果(検出感度)-2

プライマー 外+内	対象微生物	対象遺伝子	第1段階(外側) /箇数				第2段階(内側) /箇数				備考 (AN=配列番号)
			10 <sup>7</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>2</sup>	10	1	
(N)+(n)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EsEC</i> )	pCVD432	○	○	○	×	○	○	○	×	AN51,52+AN165,166
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EsEC</i> )	EAST1	○	○	○	×	○	○	○	×	AN53,54+AN187,168
(O)+(o)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EIEC</i> )	virB	○	○	○	×	○	○	○	×	
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>EHEC</i> )	Shiga toxin 1	○	○	○	×	○	○	○	×	AN57,58+AN171,172
		Shiga toxin 2	○	○	○	×	○	○	○	×	AN59,60+AN173,174
(Q)+(q)	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	toxin:LT toxin	○	○	○	×	○	○	○	×	AN61,62+AN175,176
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	ST1 toxin	○	○	○	×	○	○	○	×	AN63,64+AN177,178
	<i>Escherichia coli</i> ( <i>ETEC</i> )	ST II toxin	○	○	○	×	○	○	○	×	AN65,66+AN179,180
(R)+(r)	<i>Escherichia coli</i>	toxin:intimin	○	○	○	×	○	○	○	×	
(S)+(s)	<i>Giardia lamblia</i> group	18S rRNA	—	—	—	—	—	—	—	—	
(T)+(t)	<i>Listeria monocytogenes</i>	listeriolysin O (hlyA)	○	○	×	×	○	○	○	×	AN71,72+AN165,166
	<i>Listeria monocytogenes</i>	listeriosin	○	○	×	×	○	○	○	×	AN73,74+AN187,188
(U)+(u)	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	group 18S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(V)+(v)	<i>Salmonella spp.</i>	toxin: enterotoxin ent	○	○	○	×	○	○	○	×	AN77,78+AN191,192
	<i>Salmonella spp.</i>	virulence: invA	○	○	○	×	○	○	○	×	AN79,80+AN193,194
(W)+(w)	<i>Salmonella typhi</i>	virulence: virR	○	○	○	×	○	○	○	×	
(X)+(x)	<i>Shigella flexneri</i>	inv G factor	○	○	○	×	○	○	○	×	
(Y)+(y)	<i>Staphylococcus aureus</i>	toxin:SEA	○	○	×	×	○	○	○	×	AN85,86+AN199,200
	<i>Staphylococcus aureus</i>	toxin :SEB	○	○	×	×	○	○	○	×	AN87,88+AN201,202
	<i>Staphylococcus aureus</i>	toxin :SEC	○	○	×	×	○	○	○	×	AN89,90+AN203,204
	<i>Staphylococcus aureus</i>	toxin :SED	○	○	×	×	○	○	○	×	AN91,92+AN205,206
	<i>Staphylococcus aureus</i>	toxin :SEE	○	○	×	×	○	○	○	×	AN93,94+AN207,208
(Z)+(z)	<i>Tropheryma whippelii</i> (Whipple Disease)	18S rRNA	—	—	—	—	—	—	—	—	AN95,96+AN209,210
	<i>Tropheryma whippelii</i> (Whipple Disease)	16S rRNA	—	—	—	—	—	—	—	—	AN97,98+AN211,212

【0077】

【表12】

実験結果(検出感度)-3

プライマー 外+内	対象微生物	対象遺伝子	第1段階(外側) /箇数				第2段階(内側) /箇数				備考 (AN=配列番号)
			10 <sup>7</sup>	10 <sup>6</sup>	10 <sup>5</sup>	10 <sup>4</sup>	10 <sup>3</sup>	10 <sup>2</sup>	10	1	
(AA)+(aa)	<i>Vibrio cholerae</i>	toxin :CTA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(BB)+(bb)	<i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	Group 16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(CC)+(cc)	<i>Vibrio fluvialis</i>	16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(DD)+(dd)	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Specific 16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(EE)+(ee)	<i>Vibrio parahaemolyticus</i> group	haemolysin (Tdh)	○	○	○	×	○	○	○	×	
(FF)+(ff)	<i>Vibrio spp.</i>	Group 16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(GG)+(gg)	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Group 16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	
(HH)+(hh)	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Group 16S rRNA	○	○	○	×	○	○	○	×	

【0078】また、特異性の試験は、表8及び表9に示す各微生物について同様に検出操作を行った。その実験の結果を表13乃至表19に示す。ここで、表中のそれぞれに項目に付された”○”は検出有りを示し、”×”は不検出を示す。さらに、”-”は未検討のものを示し

ている。これにより、(A)～(HH)の各プライマーセットを用いることによって、特異性の高い検出が可能なことが示された。すなわち、本発明に微生物検出用のプライマーセットは、微生物の属、群、及び種のレベルで特異的に検出することが可能であること、などが確認で

きた。なお、表中の”AN”は、検出の際に使用した各プライマーセットのそれぞれの配列番号を示している。

【0079】  
【表13】

実験結果(特異性試験)-1

	供試微生物	プライマーセット						
		(A)	(B)	(C)	(D)	(E)	(F)	(G)
(1)-1	<i>A. hydrophila</i>	○	○	-	-	-	-	-
(1)-2	<i>A. sorbri</i>	×	○	-	-	-	-	-
(2)-1	<i>B. cereus group</i>	-	-	○	-	-	-	-
(3)	<i>Bacteroides fragilis</i>	-	-	-	○	-	-	-
(4)-1	<i>Campylobacter jejuni</i>	-	-	-	-	○	○	○
(4)-2	<i>Campylobacter coli</i>	-	-	-	-	×	○	○
(4)-3	<i>Campylobacter spp.</i>	-	-	-	-	×	×	○

【0080】

【表14】

実験結果(特異性試験)-2

	供試微生物	プライマーセット									
		(H1)	(H2)	(H3)	(H4)	(H5)	(H6)	(H7)	(H8)	(H9)	(H10)
(5)-1	<i>C. botulinum</i>	○	×	×	×	×	×	×	○	×	×
(5)-2	<i>C. botulinum</i>	×	○	×	×	×	×	×	○	×	×
(5)-3	<i>C. botulinum</i>	×	×	○	○	×	×	×	○	×	×
(5)-4	<i>C. botulinum</i>	×	×	×	×	○	×	×	×	×	×
(5)-5	<i>C. botulinum</i>	×	×	×	×	×	○	×	×	×	○
(5)-6	<i>C. botulinum</i>	×	×	×	×	×	×	○	×	×	○

※H1=AN15,16 H2=AN17,18 H3=AN19,20 H4=AN21,22 H5=AN23,24  
H6=AN25,26 H2=AN27,28 H3=AN29,30 H4=AN31,32 H5=AN33,34

【0081】

【表15】

実験結果(特異性試験)-3

	供試微生物	プライマーセット							
		(I)	(J1)	(J2)	(J3)	(K1)	(K2)	(L)	(M)
(6)	<i>C. butyricum</i>	○	×	×	×	×	×	-	-
(7)	<i>C. difficile</i>	×	○	○	○	×	×	-	-
(8)	<i>C. perfringens</i>	×	×	×	×	○	○	-	-
(9)	<i>Cryptosporidium parvum</i>	×	×	×	×	×	×	○	-
(10)	<i>Entamoeba histolytica</i>	-	-	-	-	-	-	-	○

※J1=AN37,38 J2=AN39,40 J3=AN41,42  
K1=AN43,44 K2=AN45,46

【0082】

【表16】

実験結果(特異性試験)-4

	供試微生物	プライマーセット												
		(N1)	(N2)	(O)	(P1)	(P2)	(Q1)	(Q2)	(Q3)	(R)	(S)	(T1)	(T2)	(U)
(11)-1	<i>E. Coli</i> (EaggEC)	○	×	×	×	×	×	×	×	×	×	—	—	—
(11)-2	<i>E. Coli</i> (EaggEC)	×	○	×	×	×	×	×	×	×	—	—	—	—
(11)-3	<i>E. Coli</i> (EIEC)	×	×	○	×	×	×	×	×	×	—	—	—	—
(11)-4	<i>E. Coli</i> (EHEC)	×	×	×	○	○	×	×	×	○	—	—	—	—
(11)-5	<i>E. Coli</i> (ETEC)	×	×	×	×	×	○	×	×	×	—	—	—	—
(11)-6	<i>E. Coli</i> (ETEC)	×	×	×	×	×	×	○	○	×	—	—	—	—
(12)	<i>Giardia lamblia</i> group	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
(13)	<i>Listeria monocytogene</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	○	○	—	—
(14)	<i>P. shigelloides</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	○

※N1=AN51,52 N2=AN53,54  
 P1=AN57,58 P2=AN59,60  
 Q1=AN61,62 Q2=AN63,64 Q3=AN65,66  
 T1=AN71,72 T2=AN73,74

【0083】

【表17】

実験結果(特異性試験)-5

	供試微生物	プライマーセット			
		(V1)	(V2)	(W)	(X)
(15)	<i>Salmonella</i> spp. ( <i>Salmonella typhimurium</i> )	○	○	×	—
(15)	<i>Salmonella</i> spp. ( <i>Salmonella enteritidis</i> )	○	○	×	—
(16)	<i>Salmonella typhi</i>	○	○	○	—
(17)	<i>Shigella flexneri</i>	—	—	—	○

※V1=AN77,78 V2=AN79,80

【0084】

【表18】

実験結果(特異性試験)-6

	供試微生物	プライマーセット						
		(Y1)	(Y2)	(Y3)	(Y4)	(Y5)	(Z1)	(Z2)
(18)-1	<i>Staphylococcus aureus</i>	○	×	×	×	×	—	—
(18)-2	<i>Staphylococcus aureus</i>	×	○	×	×	×	—	—
(18)-3	<i>Staphylococcus aureus</i>	×	×	○	×	×	—	—
(18)-4	<i>Staphylococcus aureus</i>	×	×	×	○	×	—	—
(18)-5	<i>Staphylococcus aureus</i>	×	×	×	×	○	—	—
(19)	<i>Tropheryma whippelii</i> ( <i>Whipple Disease</i> )	—	—	—	—	—	—	—

※Y1=AN85,86 Y2=AN87,88 Y3=AN89,90 Y4=AN91,92 Y5=AN93,94  
 Z1=AN95,96 Z2=AN97,98

【0085】

【表19】

実験結果(特異性試験)-7

供試微生物	プライマーセット							
	(AA)	(BB)	(CC)	(DD)	(EE)	(FF)	(GG)	(HH)
(20)-1 <i>V. cholerae</i>	○	○	×	×	×	○	-	-
(20)-2 <i>V. cholerae/mimicus</i>	×	○	×	×	×	○	-	-
(20)-3 <i>V. fluvialis</i>	×	×	○	×	×	○	-	-
(20)-4 <i>V. parahaemolyticus</i>	×	×	×	○	○	○	-	-
(20)-5 <i>Y. enterocolitica</i>	-	-	-	-	-	-	○	○

## 【0086】

【発明の効果】請求項1に記載の発明に係る微生物の検出方法によれば、複数種類の微生物の遺伝子を共通の温度サイクル条件で増幅することができる。そして、増幅産物の生成の有無によって微生物の存在を確認することができるとともに、その同定が増幅反応のレベルで可能である。また、増幅反応の操作を共通化できるため、測定操作の簡便性や経済性の点でも有利である。特に、人体に下痢症状などの食中毒の原因菌となる多種類の病原性微生物を対象とする検出系を構築することができる。この検出系では各微生物を高感度で検出することができ、しかもその検出操作を迅速かつ簡便に行なうことができる。

きる。

【0087】請求項2に記載の発明に係る微生物の検出方法によれば、請求項1に記載の発明の効果に加え、病原性微生物の検出系において、その感度や特異性をさらに向上させることができる。

【0088】請求項3に記載の発明に係る微生物の検出用プライマーセットによれば、これらのプライマーセットを用いて病原性微生物の検出系を構築することにより、請求項1または2に記載の発明の効果を奏すことができる。

## 【0089】

## 【配列表】

## SEQUENCE LISTING

<110>; RAKAN Co., Ltd.  
Gifu University  
<120>; Method for detecting microorganisms.  
<130>; P01108  
<140>;  
<141>;  
<160>; 228  
<170>; PatentIn Ver. 2.1  
<210>; 1  
<211>; 18  
<212>; DNA  
<213>; Artificial Sequence  
<220>;  
<223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Aeromonas hydrophila  
<400>; 1  
gcgtctgaca gcgaagtg

18

<210>; 2  
<211>; 18  
<212>; DNA  
<213>; Artificial Sequence  
<220>;  
<223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Aeromonas hydrophila  
<400>; 2  
tgactgtgtc catcgtgc

18

<;210>; 3	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas spp.	
<;400>; 3	
ggaaaatgtat cttgtac	18
<;210>; 4	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas spp.	
<;400>; 4	
cttccctctt cgctgaaa	18
<;210>; 5	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacillus cereus group	
<;400>; 5	
caaaatctat gaatgcct	18
<;210>; 6	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacillus cereus group	
<;400>; 6	
ctcttaattt agttaattct tc	22
<;210>; 7	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacteroides fragilis	
<;400>; 7	
cgaagacggt gtatgtatt	20

<;210>; 8	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacteroides fragilis	
<;400>; 8	
cgccccatgt atgacctatg	20
<;210>; 9	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni	
<;400>; 9	
gatgtacact agttgttggs	20
<;210>; 10	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni	
<;400>; 10	
aagcttagcac cctcatat	18
<;210>; 11	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni/coli	
<;400>; 11	
acgatgaagc ttcttagct	18
<;210>; 12	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni/coli	
<;400>; 12	
agtttaatgg ttaagcca	18

<;210>; 13	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Campylobacter</i> spp.	
<;400>; 13	
gtatagttaa tctgcctac	20
<;210>; 14	
<;211>; 19	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Campylobacter</i> spp.	
<;400>; 14	
tatcccttag gtaccgtca	19
<;210>; 15	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Clostridium botulinum</i>	
<;400>; 15	
agttagagct agaaaaactg	20
<;210>; 16	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Clostridium botulinum</i>	
<;400>; 16	
acttgaatt aaagaattca	20
<;210>; 17	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Clostridium botulinum</i>	
<;400>; 17	
ctgtaaggct aatacagatt	20

<;210>; 18	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 18	
aatactaagt taggtttt	20
<;210>; 19	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 19	
ttcagatcct gttgataata	20
<;210>; 20	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 20	
tcaaaagtat taattggagt	20
<;210>; 21	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 21	
gttattatcc taaaaatgtat	20
<;210>; 22	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 22	
gttttaaca atacttctga	20

<;210>; 23	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 23	
tctttaattt ctacagcaat	20
<;210>; 24	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 24	
ttattaagca ttttagttac	20
<;210>; 25	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 25	
ttataatgtat cctgttaatg	20
<;210>; 26	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 26	
atctggagta ttatcattcc	20
<;210>; 27	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 27	
ctgtacttca acaaactgta	20

<;210>; 28	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 28	
gtgttagttga aaaccagttt	20
<;210>; 29	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 29	
gctagaaaaaa ctgataacggt	20
<;210>; 30	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 30	
ttttttatta gattttggta	20
<;210>; 31	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 31	
cgggctagaa aaactaataac	20
<;210>; 32	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 32	
tatatccata aggaaatgga at	22

<;210>; 33	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 33	
cttttatgga acaatgtatt	20
<;210>; 34	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium botulinum	
<;400>; 34	
ataaatttcc caaccacaat	20
<;210>; 35	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium butyricum	
<;400>; 35	
gttgtcaaga attttataaa	20
<;210>; 36	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium butyricum	
<;400>; 36	
aatagtatgt ctggctacc	20
<;210>; 37	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 37	
gttttcaag tcaggagt	18

<;210>; 38	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 38	
actcttgcga gcgtactt	18
<;210>; 39	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 39	
agaagagttt ataaaaactcg	20
<;210>; 40	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 40	
tcactatcat accacagttt	20
<;210>; 41	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 41	
gtcagagaat actgtatcg	20
<;210>; 42	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium difficile	
<;400>; 42	
ttgctgattc tactacagg	20

<;210>; 43	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium perfringens	
<;400>; 43	
taacacgtgg gtaacctg	18
<;210>; 44	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium perfringens	
<;400>; 44	
tctttggta ccgtcatt	18
<;210>; 45	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium perfringens	
<;400>; 45	
tttaagtgtt ggattatatg	20
<;210>; 46	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Clostridium perfringens	
<;400>; 46	
ttagatgtt taccatgaga	20
<;210>; 47	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Cryptosporidium parvum	
<;400>; 47	
ctgctgtaca agctgtatc	20

<;210>; 48		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for Cryptosporidium parvum		
<;400>; 48		20
caacagcaga cacattcaag		
<;210>; 49		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for Entamoeba histolytica		
<;400>; 49		20
tcaagagaaa gaatgttgt		
<;210>; 50		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for Entamoeba histolytica		
<;400>; 50		20
cctactcctc ctttactttt		
<;210>; 51		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)		
<;400>; 51		20
ctggcgaaag actgtatcat		
<;210>; 52		
<;211>; 22		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)		
<;400>; 52		22
caatgtatag aaatccgttg tt		

<;210>; 53	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 53	
gaacgatatac ctcatcgct	20
<;210>; 54	
<;211>; 26	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 54	
atcgctttca ggtcgcgagt gacggc	26
<;210>; 55	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EIEC)	
<;400>; 55	
tatatactact cttgatgcca	20
<;210>; 56	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EIEC)	
<;400>; 56	
ttttatttct tcctttaata	20
<;210>; 57	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)	
<;400>; 57	
tgtcagaggg atagatcc	18

<;210>; 58	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)	
<;400>; 58	
aaatcccttc tgtatttg	18
<;210>; 59	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)	
<;400>; 59	
tggagttcag tggtaataca	20
<;210>; 60	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)	
<;400>; 60	
tgtattactt tccataatg	20
<;210>; 61	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 61	
cagatatatg gatggatcg	20
<;210>; 62	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 62	
ctgccttta acttttgatt	20

<;210>; 63	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 63	
tctgtattgt ctttttccacc	20
<;210>; 64	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 64	
accaggattttaa caacacaatt	20
<;210>; 65	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 65	
ccggaggtaa tatgaaga	18
<;210>; 66	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 66	
attttattcaa caaaggcaaca	20
<;210>; 67	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli	
<;400>; 67	
aacatttgattt atgcttagt	20

<;210>; 68	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli	
<;400>; 68	
tagtcagttt attcgtgtga	20
<;210>; 69	
<;211>; 17	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Giardia lamblia group	
<;400>; 69	
gacgctctcc ccaagga	17
<;210>; 70	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Giardia lamblia group	
<;400>; 70	
gaattaccgc ggctgctg	18
<;210>; 71	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Listeria monocytogenes	
<;400>; 71	
atcgataagt atatacaagg	20
<;210>; 72	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Listeria monocytogenes	
<;400>; 72	
attccatctt tccactaattg	20

<;210>; 73	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Listeria monocytogenes	
<;400>; 73	
taccaatagc acaacaaa	18
<;210>; 74	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Listeria monocytogenes	
<;400>; 74	
ctggatatgt taggctcg	18
<;210>; 75	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Plesiomonas shigelloides	
<;400>; 75	
taacacagag gagcttgc	18
<;210>; 76	
<;211>; 19	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Plesiomonas shigelloides	
<;400>; 76	
atgccactag gtattaact	19
<;210>; 77	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Salmonella spp.	
<;400>; 77	

gccatgctgt tcgatgatat	20
<;210>; 78 <;211>; 20 <;212>; DNA <;213>; Artificial Sequence <;220>; <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for <i>Salmonella</i> spp. <;400>; 78	
ttactcactc cctgaatctg	20
<;210>; 79 <;211>; 20 <;212>; DNA <;213>; Artificial Sequence <;220>; <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for <i>Salmonella</i> spp. <;400>; 79	
ttctacattg acagaatcct	20
<;210>; 80 <;211>; 20 <;212>; DNA <;213>; Artificial Sequence <;220>; <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for <i>Salmonella</i> spp. <;400>; 80	
tcacctttga taaacttcat	20
<;210>; 81 <;211>; 20  <;212>; DNA <;213>; Artificial Sequence <;220>; <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for <i>Salmonella</i> typhi <;400>; 81	
attagttat ttcagcataa	20
<;210>; 82 <;211>; 20 <;212>; DNA <;213>; Artificial Sequence <;220>; <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for <i>Salmonella</i> typhi	

<;400>; 82	
tttactatat ccttacggtt	20
<;210>; 83	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Shigella flexneri</i>	
<;400>; 83	
taaatggaga aattatttca	20
<;210>; 84	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Shigella flexneri</i>	
<;400>; 84	
atggtcatat tgctaccatt	20
<;210>; 85	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>	
<;400>; 85	
gcaatcttaa acaaatctat	20
<;210>; 86	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>	
<;400>; 86	
tatttttcct gtaaataacg	20
<;210>; 87	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>	

<;400>; 87	
gaaaatatga aagttttgt	20
<;210>; 88	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Staphylococcus aureus	
<;400>; 88	
aataaaatttt taccattttc	20
<;210>; 89	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Staphylococcus aureus	
<;400>; 89	
gatgatcatt atgtatcagc	20
<;210>; 90	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Staphylococcus aureus	
<;400>; 90	
gttcttgagc tgttacactt	20
<;210>; 91	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Staphylococcus aureus	
<;400>; 91	
atttaacatt cttattgcat	20
<;210>; 92	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	

Primer Sequence for *Staphylococcus aureus*  
 <;400>; 92  
 atcttatagg gtaaacatct 20

<;210>; 93  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Staphylococcus aureus*  
 <;400>; 93  
 atcttaggca aatttattat 20

<;210>; 94  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Staphylococcus aureus*  
 <;400>; 94  
 ttatataaac caaatttcc 20

<;210>; 95  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Tropheryma whippelii*  
 (Whipple Disease)  
 <;400>; 95  
 ttgctccctg tgatttagt 18

<;210>; 96  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Tropheryma whippelii*  
 (Whipple Disease)  
 <;400>; 96  
 gccaaaagag gtttacaa 18

<;210>; 97  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence

<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>		
(Whipple Disease)		
<;400>; 97		
ccctaacttt gggataac		18
<;210>; 98		
<;211>; 18		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>		
(Whipple Disease)		
<;400>; 98		
tttctgcagg taccgtca		18
<;210>; 99		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae</i>		
<;400>; 99		
gaggtactca aatgaatatc		20
<;210>; 100		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae</i>		
<;400>; 100		
attactcatc gatgatttg		20
<;210>; 101		
<;211>; 18		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae/mimicus</i>		
<;400>; 101		
taaccattgg aaacgatg		18
<;210>; 102		

<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Vibrio cholerae/mimicus	
<;400>; 102	
aatgattaaag gtattaaactt	20
<;210>; 103	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Vibrio fluvialis	
<;400>; 103	
cagcgcacaaac attgaacctt	20
<;210>; 104	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Vibrio fluvialis	
<;400>; 104	
agctaacgtc aaaagata	18
<;210>; 105	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Vibrio parahaemolyticus	
<;400>; 105	
gaaaacgagt tatctgaa	18
<;210>; 106	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Vibrio parahaemolyticus	
<;400>; 106	
gtcaaatgat ggtgtat	18
<;210>; 107	

<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	
group	
<;400>; 107	
gttctgtatgatattgttt	20
<;210>; 108	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	
group	
<;400>; 108	
tatatccata aggaaatgga at	22
<;210>; 109	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio spp.</i>	
<;400>; 109	
taaccatttgg aaacgatg	18
<;210>; 110	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio spp.</i>	
<;400>; 110	
cttaacaaac cacctgca	18
<;210>; 111	
<;211>; 21	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Yersinia enterocolitica</i>	
<;400>; 111	
gtgagtaatg tctggaaac t	21

<;210>; 112	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica	
<;400>; 112	
gtaacgtcaa tccaaacaa	18
<;210>; 113	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica	
group	
<;400>; 113	
ataccgcata acgttcc	18
<;210>; 114	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica	
group	
<;400>; 114	
taacgtcaat ccaacaac	18
<;210>; 115	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas hydrophila	
<;400>; 115	
tgcggcgac gctgattg	18
<;210>; 116	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas hydrophila	

<;400>; 116	
tcttgctgc ctgcatgc	18
<;210>; 117	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas spp.	
<;400>; 117	
ataaacagttg gaaacgactg	20
<;210>; 118	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Aeromonas spp.	
<;400>; 118	
ggctgcatac gggtttcc	18
<;210>; 119	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacillus cereus group	
<;400>; 119	
ctgttacttg ggatacgaaa gt	22
<;210>; 120	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacillus cereus group	
<;400>; 120	
tctattagtt gttgtgcata ct	22
<;210>; 121	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacteroides fragilis	

<;400>; 121	
cgaactcggt ttatgcagtt	20
<;210>; 122	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Bacteroides fragilis	
<;400>; 122	
ccgaagccgt attcacatta	20
<;210>; 123	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni	
<;400>; 123	
catctcagta atgcagctaa cg	22
<;210>; 124	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni	
<;400>; 124	
geaccctcat atctctataa gg	22
<;210>; 125	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Campylobacter jejuni/coli	
<;400>; 125	
cctgcttaac acaagtttag	20
<;210>; 126	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	

Primer Sequence for *Campylobacter jejuni/coli*

<;400>; 126  
cgtcagaatt cttccctaag 20

<;210>; 127  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Campylobacter spp.*

<;400>; 127  
cggtgttagga tgagactata 20

<;210>; 128  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Campylobacter spp.*

<;400>; 128  
ccagtgtgac tgatcatcct 20

<;210>; 129  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 129  
gccagagaga tattatggcg 20

<;210>; 130  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 130  
ttccccagcg ttagtactat 20

<;210>; 131  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 131  
atcaaggttcc cggtaacggt 20

<;210>; 132  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 132  
ttgaatcttg aagcgctgat 20

<;210>; 133  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 133  
cactagctaa tgagcctgaa 20

<;210>; 134  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 134  
ggtagtatatct gtcgaaagt 20

<;210>; 135  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 135  
aagtctgcaa gatggattgg 20

<;210>; 136  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for *Clostridium botulinum*  
 <;400>; 136  
 cccagtaaag cttaattct 20

<;210>; 137  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Clostridium botulinum*  
 <;400>; 137  
 caagtaccat tccatttct 20

<;210>; 138  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Clostridium botulinum*  
 <;400>; 138  
 accattctca gcatcattct 20

<;210>; 139  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Clostridium botulinum*  
 <;400>; 139  
 gattttcatc cgctctacttc 20

<;210>; 140  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for *Clostridium botulinum*  
 <;400>; 140  
 tccctctga aagattattta 20

<;210>; 141  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for Clostridium botulinum  
 <;400>; 141  
 ctctactaac cgcaaccagt 20

<;210>; 142  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium botulinum  
 <;400>; 142  
 acggatgcag tcgatgatag 20

<;210>; 143  
 <;211>; 24  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium botulinum  
 <;400>; 143  
 ctaatttctt ttcacaagat agtg 24

<;210>; 144  
 <;211>; 22  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium botulinum  
 <;400>; 144  
 tatatccata aggaaatgga at 22

<;210>; 145  
 <;211>; 24  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium botulinum  
 <;400>; 145  
 ctaatttctt ttcacaagat agtg 24

<;210>; 146  
 <;211>; 22  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 146  
tatatccata aggaaatgga at 22

<;210>; 147  
<;211>; 21  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 147  
gattatgcaa aatagttta g 21

<;210>; 148  
<;211>; 22  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium botulinum*

<;400>; 148  
tttctcaacc aaaaataaaat tg 22

<;210>; 149  
<;211>; 22  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium butyricum*

<;400>; 149  
caagatttc atccgcgcct ac 22

<;210>; 150  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Clostridium butyricum*

<;400>; 150  
gcatcaccaa tatggaaattg 22

<;210>; 151  
<;211>; 22  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for Clostridium difficile  
 <;400>; 151  
 ctcttggaaac tgggagactt ga 22

<;210>; 152  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium difficile  
 <;400>; 152  
 taaccccgaa acacctag 18

<;210>; 153  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium difficile  
 <;400>; 153  
 cttaaaggcag aatacgatcg 20

<;210>; 154  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium difficile  
 <;400>; 154  
 gcccattgtt ttatgtatcc 20

<;210>; 155  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
 Primer Sequence for Clostridium difficile  
 <;400>; 155  
 tctggtagaa ataaaggcatt 20

<;210>; 156  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized

Primer Sequence for *Clostridium difficile*  
 <;400>; 156  
 gtgttatca aaaatgcatt 20

<;210>; 157  
 <;211>; 21  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Clostridium perfringens*

<;400>; 157  
 cgcataatgt tgaaagatgg c 21

<;210>; 158  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Clostridium perfringens*

<;400>; 158  
 acgcatacgta gccttggt 18

<;210>; 159  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Clostridium perfringens*

<;400>; 159  
 ggagatggtt ggatattagg 20

<;210>; 160  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Clostridium perfringens*

<;400>; 160  
 ggaccagcag ttgttagatac 20

<;210>; 161  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Cryptosporidium parvum	
<;400>; 161	
atggtgagca atcctctgcc	20
<;210>; 162	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Cryptosporidium parvum	
<;400>; 162	
ccgaggagat ggttatcctt	20
<;210>; 163	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Entamoeba histolytica	
<;400>; 163	
gcacacaattg gaaaagaagc	20
<;210>; 164	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Entamoeba histolytica	
<;400>; 164	
tcacaccatg cttgtataca	20
<;210>; 165	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 165	
tagggtttagg gcagtatata	20
<;210>; 166	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 166	
ctctcgagca tcaacatcag	20
<;210>; 167	
<;211>; 21	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 167	
tgcctatcaac acagttatcc c	21
<;210>; 168	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(EaggEC)	
<;400>; 168	
agtctttcca tgacacgaag	20
<;210>; 169	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(EIEC)	
<;400>; 169	
caaaagagca tagcatccga	20
<;210>; 170	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(EIEC)	
<;400>; 170	
cgcgatttga aatagagata	20
<;210>; 171	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)

<;400>; 171

ctacggctta ttgttgaacg

20

<;210>; 172

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)

<;400>; 172

gaggttccac tatgcgacat

20

<;210>; 173

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)

<;400>; 173

cactgtcaca gcagaaggct

20

<;210>; 174

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Escherichia coli(EHEC)

<;400>; 174

gccagttatc tgacattctg

20

<;210>; 175

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)

<;400>; 175

cagggaatat agagaccggt

20

<;210>; 176

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 176	20
gtgctcagat tctgggtctc	
<;210>; 177	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 177	20
cgctcaggat gctaaaccag	
<;210>; 178	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli(ETEC)	
<;400>; 178	20
attcatgtt tcaggaccac	
<;210>; 179	
<;211>; 21	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli	
<;400>; 179	21
ctgtattgtc tttttcacct t	
<;210>; 180	
<;211>; 21	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized Primer Sequence for Escherichia coli	
<;400>; 180	21
agacatcatc agaatcagaa c	
<;210>; 181	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for Escherichia coli  
 <;400>; 181  
     tgatagctat cagaatcgcc 20

<;210>; 182  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for Escherichia coli  
 <;400>; 182  
     caagaggtgc cgaacctaaa 20

<;210>; 183  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for Giardia lamblia group  
 <;400>; 183  
     ccctgctagc cggacacc 18

<;210>; 184  
 <;211>; 18  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for Giardia lamblia group  
 <;400>; 184  
     atgtgcgggc cgtctctc 18

<;210>; 185  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for Listeria monocytogenes  
 <;400>; 185  
     ataccacgga gatgcagtga 20

<;210>; 186  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Listeria monocytogenes

<;400>; 186

cttgatttagt cattcctggc

20

<;210>; 187

<;211>; 18

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Listeria monocytogenes

<;400>; 187

catccatggc accaccaa

18

<;210>; 188

<;211>; 18

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Listeria monocytogenes

<;400>; 188

cggcacattt gtcactgc

18

<;210>; 189

<;211>; 22

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Plesiomonas shigelloides

<;400>; 189

gataactacg ggaaactgtc gc

22

<;210>; 190

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Plesiomonas shigelloides

<;400>; 190

ccagtgtgac tggcattct

20

<;210>; 191

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Salmonella* spp.

<;400>; 191

aatcgcctc cagctgatcc

20

<;210>; 192

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Salmonella* spp.

<;400>; 192

gcgaatgaga cgcttaagcg

20

<;210>; 193

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Salmonella* spp.

<;400>; 193

ttgaagccga tgccggtgaa

20

<;210>; 194

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Salmonella* spp.

<;400>; 194

gcgcageatc cgeatcaata

20

<;210>; 195

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for *Salmonella* typhi

<;400>; 195

tcatcatttc tggcctccga

20

<;210>; 196

<;211>; 20

<;212>; DNA

<;213>; Artificial Sequence

<;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Salmonella typhi*  
 <;400>; 196  
     cgcatcgaaa acagcaataa 20

<;210>; 197  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Shigella flexneri*  
 <;400>; 197  
     caacaaaggg actatttccg 20

<;210>; 198  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Shigella flexneri*  
 <;400>; 198  
     agccatcata accataaccg 20

<;210>; 199  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Staphylococcus aureus*  
 <;400>; 199  
     tttacagat cattcgtggt 20

<;210>; 200  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;  
 <;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
     Primer Sequence for *Staphylococcus aureus*  
 <;400>; 200  
     tgatcggcac tttttctct 20

<;210>; 201  
 <;211>; 20  
 <;212>; DNA  
 <;213>; Artificial Sequence  
 <;220>;

<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Staphylococcus aureus  
<;400>; 201  
tatgataatg ttcgagtcga 20

<;210>; 202  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Staphylococcus aureus  
<;400>; 202  
cccgaaacgt aataacttctta 20

<;210>; 203  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Staphylococcus aureus  
<;400>; 203  
tgtagataaa ttttggcac 20

<;210>; 204  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Staphylococcus aureus  
<;400>; 204  
caaagtggtt tccttcatgt 20

<;210>; 205  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence  
<;220>;  
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized  
Primer Sequence for Staphylococcus aureus  
<;400>; 205  
ctccctttaaa cgttaaagcc 20

<;210>; 206  
<;211>; 20  
<;212>; DNA  
<;213>; Artificial Sequence

<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>		
<;400>; 206		
ccatttcttt tgaattgaag		20
<;210>; 207		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>		
<;400>; 207		
ttttcacagg tcatccatgg		20
<;210>; 208		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Staphylococcus aureus</i>		
<;400>; 208		
cgttcaatcg gttattatca		20
<;210>; 209		
<;211>; 20		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>		
(Whipple Disease)		
<;400>; 209		
cctaacttgc ggataacttc		20
<;210>; 210		
<;211>; 19		
<;212>; DNA		
<;213>; Artificial Sequence		
<;220>;		
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized		
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>		
(Whipple Disease)		
<;400>; 210		
ggctaccgtt cgatgcctt		19
<;210>; 211		
<;211>; 20		

<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>	
(Whipple Disease)	
<;400>; 211	
ataccaaata cgaccatga	20
<;210>; 212	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Tropheryma whippelii</i>	
(Whipple Disease)	
<;400>; 212	
gtaccgtcac ttccgtttct	20
<;210>; 213	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae</i>	
<;400>; 213	
tgcaagagga actcagacg	20
<;210>; 214	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae</i>	
<;400>; 214	
cccacctaaa gcagaaactt	20
<;210>; 215	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	
<;400>; 215	
taataccgca taacctcgca	20

<;210>; 216	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio cholerae/mimicus</i>	
<;400>; 216	
gctgcatcg gcttgcgc	18
<;210>; 217	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio fluvialis</i>	
<;400>; 217	
atgcctggaa aattgcctcg	20
<;210>; 218	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio fluvialis</i>	
<;400>; 218	
gataacctct tcctcaactgc	20
<;210>; 219	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	
<;400>; 219	
tgatagcttc ggcttaaaga	20
<;210>; 220	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	
<;400>; 220	
ccaccccttccat cacggctg	18

<;210>; 221	
<;211>; 22	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i> group	
<;400>; 221	
tatatccata aggaaatgga at	22
<;210>; 222	
<;211>; 23	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio parahaemolyticus</i> group	
<;400>; 222	
gctacagaat tataggaatg ttg	23
<;210>; 223	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio</i> spp.	
<;400>; 223	
aacgatggct aataccgc	18
<;210>; 224	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Vibrio</i> spp.	
<;400>; 224	
catcaggctt gcgccat	18
<;210>; 225	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for <i>Yersinia enterocolitica</i>	
<;400>; 225	
taccgcataa cgtttcg	18

<;210>; 226	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica	
<;400>; 226	
gttattggcc ttcctcct	18
<;210>; 227	
<;211>; 18	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica group	
<;400>; 227	
ataaacgtctt cggaccaa	18
<;210>; 228	
<;211>; 20	
<;212>; DNA	
<;213>; Artificial Sequence	
<;220>;	
<;223>; Description of Artificial Sequence: Synthesized	
Primer Sequence for Yersinia enterocolitica group	
<;400>; 228	
aacgttattaa gttattggcc	20

## 【図面の簡単な説明】

【図1】本発明の一実施形態における微生物の検出操作の概要を示す説明図である。

## 【符号の説明】

R1 a, R1 b, R1 c, … PCR反応液 (第1段階)

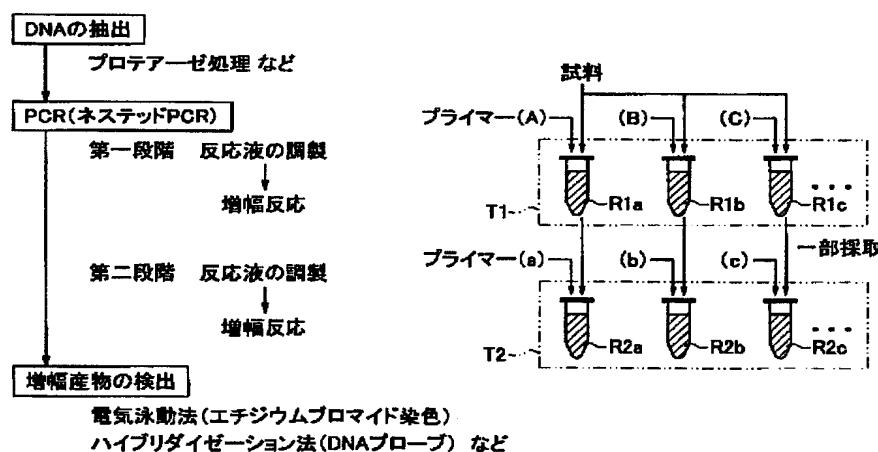
階)

R2 a, R2 b, R2 c, … PCR反応液 (第2段階)

T1 温度サイクル条件 (第1段階)

T2 温度サイクル条件 (第2段階)

## 【図1】



フロントページの続き

Fターム(参考) 4B024 AA11 CA09 HA12 HA19 HA20  
4B063 QA01 QA18 QA19 QQ03 QQ05  
QR08 QR32 QR42 QR62 QS25  
QS34 QX01